

GenCore version 5.1.3
Copyright (c) 1993 - 2002 Compugen Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on: December 1, 2002, 11:21:18 ; Search time 280 Seconds
(without alignments)
1066.112 Million cell updates/sec

Title: US-09-816-467-2
Perfect score: 2456
Sequence: 1 MWFSTPIPSYSKNLDCWVD.....DKLIGCDWYVPIDEGWTND 463

Scoring table: BLOSUM62
Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched: 4569144 seqs, 644733110 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 4569144

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database :

- Pending Patents: AA>Main:*
- 1: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US087.COMB.pep.*
- 2: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US06.COMB.pep.*
- 3: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US07.COMB.pep.*
- 4: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US08.COMB.pep.*
- 5: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US081.COMB.pep.*
- 6: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US082.COMB.pep.*
- 7: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US083.COMB.pep.*
- 8: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US084.COMB.pep.*
- 9: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US085.COMB.pep.*
- 10: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US086.COMB.pep.*
- 11: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US087.COMB.pep.*
- 12: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US088.COMB.pep.*
- 13: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US089.COMB.pep.*
- 14: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US090.COMB.pep.*
- 15: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US091.COMB.pep.*
- 16: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US092.COMB.pep.*
- 17: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US093.COMB.pep.*
- 18: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US094.COMB.pep.*
- 19: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US095.COMB.pep.*
- 20: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US096.COMB.pep.*
- 21: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US097.COMB.pep.*
- 22: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US098.COMB.pep.*
- 23: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US099.COMB.pep.*
- 24: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US100.COMB.pep.*
- 25: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US101.COMB.pep.*
- 26: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US102.COMB.pep.*
- 27: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US60.COMB.pep.*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	2456	100.0	463	19	US-09-501-787-16
2	2456	100.0	463	22	US-09-816-467-2
3	2451	99.8	573	21	US-09-791-537-132231
4	2451	99.8	1315	21	US-09-791-537-62216
5	2451	99.8	1315	24	US-10-018-997-1
6	2451	99.8	1315	26	US-10-241-596-141

7	2393	97.4	452	21	US-09-791-537-117345	Sequence 117345, App1
8	2387.5	97.2	661	19	US-09-594-985A-11	Sequence 11, App1
9	2385	97.1	453	19	US-09-594-985A-10	Sequence 10, App1
10	2349	95.6	469	21	US-09-791-537-49098	Sequence 49098, A
11	2348	95.6	444	21	US-09-791-537-49588	Sequence 49588, A
12	2331	94.9	441	21	US-09-791-537-49595	Sequence 49595, A
13	2327	94.7	441	21	US-09-791-537-49589	Sequence 49589, A
14	653.5	26.6	1067	22	US-09-831-050-3	Sequence 3, App1
15	653.5	26.6	1092	22	US-09-831-050-6	Sequence 6, App1
16	653.5	26.6	1295	21	US-09-726-949A-1	Sequence 1, App1
17	653.5	26.6	1295	21	US-09-726-949A-1	Sequence 1, App1
18	653.5	26.6	1296	8	PCT-US97-15394-28	Sequence 28, App1
19	653.5	26.6	1296	8	US-08-405-516-2	Sequence 28, App1
20	653.5	26.6	1296	8	US-08-422-711-28	Sequence 28, App1
21	653.5	26.6	1296	8	US-08-480-604-28	Sequence 28, App1
22	653.5	26.6	1296	11	US-08-704-159-28	Sequence 28, App1
23	653.5	26.6	1296	11	US-09-084-517-28	Sequence 28, App1
24	653.5	26.6	1296	21	US-09-791-537-9340	Sequence 9340, App1
25	653.5	26.6	1296	26	US-10-205-516-2	Sequence 26, App1
26	653.5	26.6	1296	26	US-10-271-012-28	Sequence 26, App1
27	653.5	26.6	1306	26	US-10-205-516-16	Sequence 16, App1
28	644.5	26.2	1297	1	PCT-US97-15394-77	Sequence 77, App1
29	644.5	26.2	1297	11	US-08-704-159-77	Sequence 11, App1
30	644.5	26.2	1297	19	US-09-547-188-14	Sequence 14, App1
31	644.5	26.2	1297	21	US-09-791-537-14255	Sequence 14255, A
32	644.5	26.2	1297	21	US-09-791-537-153146	Sequence 153146, A
33	644.5	26.2	1297	21	US-09-611-419A-18	Sequence 18, App1
34	644.5	26.2	1297	26	US-10-205-516-14	Sequence 14, App1
35	644.5	26.2	1297	26	US-10-271-012-77	Sequence 77, App1
36	643.5	26.2	1307	26	US-10-205-516-28	Sequence 28, App1
37	643.5	26.2	1296	21	US-09-547-188-2	Sequence 2, App1
38	642.5	26.2	449	21	US-09-611-419A-18	Sequence 18, App1
39	642.5	26.2	449	23	US-09-910-166A-18	Sequence 18, App1
40	642.5	26.2	473	11	PCT-US97-15394-79	Sequence 79, App1
41	642.5	26.2	473	11	US-08-704-159-79	Sequence 79, App1
42	642.5	26.2	473	26	US-10-271-012-79	Sequence 26, App1
43	641	25.5	425	16	US-09-611-419A-41	Sequence 41, App1
44	627.5	25.5	425	16	US-09-288-326-9	Sequence 9, App1
45	627.5	25.5	434	20	US-09-611-419A-4	Sequence 4, App1

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-09-501-787-16
Sequence 16, Application US/09501787
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: INSTITUT PASTEUR
TITLE OF INVENTION: HYBRID PROTEINS THAT MIGRATE RETROGRADELY AND FILE REFERENCE: B4001 AD/CAL
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/501,787
CURRENT FILING DATE: 2000-02-11
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/055,615
PRIOR FILING DATE: 1997-08-14
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065,236
PRIOR FILING DATE: 1997-11-13
NUMBER OF SEQ ID NOS: 16
SOFTWARE: Patentln Ver. 2.1
SEQ ID NO 16
LENGTH: 463
TYPE: PRT
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: cDNA
US-09-501-787-16

Query Match 100.0%; Score 2456; DB 19; Length 463;
Best local Similarity 100.0%; Pred. No. 2e-221;
Matches 463; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
1 MWFSTPIPSYSKNLDCWVDNEEDIVILKSTLINDINDIISDISGFNSVITYPDA 60

```
Db 1 MFSTPIPFYSKNDLCWVNDNEEDIVILKSTLLINDINDIISDISGFNSVITTPDA 60
QY 61 QLVGINKKAHLVNNSESEYIVHKAMDEYNDMFNNFTVSFMLRVPKVSASHLEQYGTN 120
Db 61 QLVGINKKAHLVNNSESEYIVHKAMDEYNDMFNNFTVSFMLRVPKVSASHLEQYGTN 120
QY 121 EYSIISMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFERDLDPKFNAYLANKW 180
Db 121 EYSIISMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFERDLDPKFNAYLANKW 180
QY 181 FITTNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITTLKDRCNNNOYVSIIDKFRIF 240
Db 181 FITTNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITTLKDRCNNNOYVSIIDKFRIF 240
QY 241 CALNPKETIEKLYTSITFLRDFWGNPLRYDTEYILIPVASSSKDVOLKNTIDYMYLT 300
Db 241 CALNPKETIEKLYTSITFLRDFWGNPLRYDTEYILIPVASSSKDVOLKNTIDYMYLT 300
QY 301 NAPTSTNGKLNITYRRLYNGLKFIIRKRYTPNNEIDFVKSQGFILKYVSYNNNEHIVGYP 360
Db 301 NAPTSTNGKLNITYRRLYNGLKFIIRKRYTPNNEIDFVKSQGFILKYVSYNNNEHIVGYP 360
QY 361 KGNAPFNNDRLIRLVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGTIN 420
Db 361 KGNAPFNNDRLIRLVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGTIN 420
QY 421 GOIGNDPNRDLILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGTND 463
Db 421 GOIGNDPNRDLILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGTND 463
```

RESULT 2
US-09-816-467-2
; Sequence 2, Application US/09816467

```
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: COEN, LAURENT  
; APPLICANT: PINZOLAS, ROSARIO OTRA  
; APPLICANT: BROUET, PHILIPPE  
; TITLE OF INVENTION: HYBRID PROTEINS THAT MIGRATE RETROGRADELY AND  
; FILE REFERENCE: 03495.0174-01000  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/816.467  
; CURRENT FILING DATE: 2001-03-26  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/055.615  
; PRIOR FILING DATE: 1997-08-14  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065.236  
; PRIOR FILING DATE: 1997-11-13  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 19  
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1  
; SEQ ID NO 2  
; LENGTH: 463  
; TYPE: PRT  
; ORGANISM: Clostridium tetani  
US-09-816-467-2
```

Query Match 100.0%; Score 2456; DB 22; Length 463;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2e-221;
Matches 463; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 1 MFSTPIPFYSKNDLCWVNDNEEDIVILKSTLLINDINDIISDISGFNSVITTPDA 60
Db 1 MFSTPIPFYSKNDLCWVNDNEEDIVILKSTLLINDINDIISDISGFNSVITTPDA 60
QY 61 QLVGINKKAHLVNNSESEYIVHKAMDEYNDMFNNFTVSFMLRVPKVSASHLEQYGTN 120
Db 61 QLVGINKKAHLVNNSESEYIVHKAMDEYNDMFNNFTVSFMLRVPKVSASHLEQYGTN 120
QY 121 EYSIISMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFERDLDPKFNAYLANKW 180
Db 121 EYSIISMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFERDLDPKFNAYLANKW 180
QY 181 FITTNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITTLKDRCNNNOYVSIIDKFRIF 240
```

```
Db 181 FITTNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITTLKDRCNNNOYVSIIDKFRIF 240
QY 241 CALNPKETIEKLYTSITFLRDFWGNPLRYDTEYILIPVASSSKDVOLKNTIDYMYLT 300
Db 241 CALNPKETIEKLYTSITFLRDFWGNPLRYDTEYILIPVASSSKDVOLKNTIDYMYLT 300
QY 301 NAPTSTNGKLNITYRRLYNGLKFIIRKRYTPNNEIDFVKSQGFILKYVSYNNNEHIVGYP 360
Db 301 NAPTSTNGKLNITYRRLYNGLKFIIRKRYTPNNEIDFVKSQGFILKYVSYNNNEHIVGYP 360
QY 361 KGNAPFNNDRLIRLVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGTIN 420
Db 361 KGNAPFNNDRLIRLVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGTIN 420
QY 421 GOIGNDPNRDLILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGTND 463
Db 421 GOIGNDPNRDLILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGTND 463
```

RESULT 3
US-09-791-537-132231
; Sequence 132231, Application US/09791537

```
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Biomomix, Inc.  
; APPLICANT: Danzer, Joseph  
; APPLICANT: Debe, Derek  
; TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY ME  
; FILE REFERENCE: 261/210  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791.537  
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-22  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055  
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0  
; SEQ ID NO 132231  
; LENGTH: 573  
; TYPE: PRT  
; ORGANISM: Clostridium tetani  
US-09-791-537-132231
```

Query Match 99.8%; Score 2451; DB 21; Length 573;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 8.4e-221;
Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 2 VFSTPIPFYSKNDLCWVNDNEEDIVILKSTLLINDINDIISDISGFNSVITTPDAQ 61
Db 112 VFSTPIPFYSKNDLCWVNDNEEDIVILKSTLLINDINDIISDISGFNSVITTPDAQ 171
QY 62 LVPGINKKAHLVNNSESEYIVHKAMDEYNDMFNNFTVSFMLRVPKVSASHLEQYGTNE 121
Db 172 LVPGINKKAHLVNNSESEYIVHKAMDEYNDMFNNFTVSFMLRVPKVSASHLEQYGTNE 231
QY 122 YSIISMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFERDLDPKFNAYLANKW 181
Db 232 YSIISMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFERDLDPKFNAYLANKW 291
QY 182 ITTNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITTLKDRCNNNOYVSIIDKFRIFC 241
Db 292 ITTNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITTLKDRCNNNOYVSIIDKFRIFC 351
QY 242 KALNPKETIEKLYTSITFLRDFWGNPLRYDTEYILIPVASSSKDVOLKNTIDYMYLTN 301
Db 352 KALNPKETIEKLYTSITFLRDFWGNPLRYDTEYILIPVASSSKDVOLKNTIDYMYLTN 411
QY 302 APSYTNKLNITYRRLYNGLKFIIRKRYTPNNEIDFVKSQGFILKYVSYNNNEHIVGYP 361
Db 412 APSYTNKLNITYRRLYNGLKFIIRKRYTPNNEIDFVKSQGFILKYVSYNNNEHIVGYP 471
QY 362 DGNAPFNNDRLIRLVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGTIN 421
Db 472 DGNAPFNNDRLIRLVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGTIN 531
QY 422 QIGNDPNRDLILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGTND 463
```

Db 532 QIGNDPNDRIILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 573

RESULT 4

US-09-791-537-62216
; Sequence 62216, Application US/09791537
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Bionomix, Inc.
; APPLICANT: Debe, Derek
; APPLICANT: Danzer, Joseph
; TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY MEMB
; TITLE OF INVENTION: METHODS OF USE THEREOF
; FILE REFERENCE: 261/210
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-22
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 62216
; LENGTH: 1315
; TYPE: PRP
; ORGANISM: Clostridium tetani
US-09-791-537-62216

Query Match 99.8%; Score 2451; DB 21; Length 1315;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3e-220;
Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 2 VSTPIPSYSKNDLQWVNEEDIDVILKSTILNDINNDIISDLSGFSVITTPDAQ 61
Db 854 VSTPIPSYSKNDLQWVNEEDIDVILKSTILNDINNDIISDLSGFSVITTPDAQ 913
QY 62 LVPNGKAIHLVNNSESEVYHKAMDIEYNDMFNNFTVSFWLRVKSASHLEOYGTNE 121
Db 914 LVPNGKAIHLVNNSESEVYHKAMDIEYNDMFNNFTVSFWLRVKSASHLEOYGTNE 973
QY 122 YSIISMKKHSLISGSGWSVSLKGNLITWLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWF 181
Db 974 YSIISMKKHSLISGSGWSVSLKGNLITWLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWF 1033
QY 182 ITTNDRISSANLYINGVYMSAEITGLGAIREDNNITLKLDCNNOYVSIDKRFIFC 241
Db 1034 ITTNDRISSANLYINGVYMSAEITGLGAIREDNNITLKLDCNNOYVSIDKRFIFC 1093
QY 242 KALNKEIEKLYTSYSLTFELDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVLKNTIDMYLTN 301
Db 1094 KALNKEIEKLYTSYSLTFELDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVLKNTIDMYLTN 1153
QY 302 APSYNGKLNITYRRLYNGLKFIIKRYTPNNEIDSFVKSQDFIKLYSVNNNEHIVGPK 361
Db 1154 APSYNGKLNITYRRLYNGLKFIIKRYTPNNEIDSFVKSQDFIKLYSVNNNEHIVGPK 1213
QY 362 DGNMNNLDRIILRVGNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTVSVOLKLYDKNASGLVGTHNG 421
Db 1214 DGNMNNLDRIILRVGNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTVSVOLKLYDKNASGLVGTHNG 1273
QY 422 QIGNDPNDRIILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 463
Db 1274 QIGNDPNDRIILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 1315

RESULT 5

US-10-018-997-1
; Sequence 1, Application US/10018997
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: FAIRMWATHER, NEIL FRASER
; APPLICANT: SINHA, KATHARINE
; TITLE OF INVENTION: TETANUS TOXIN POLYPEPTIDES
; FILE REFERENCE: 078883-0143
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/018,997
; CURRENT FILING DATE: 2001-12-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB00/02428
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-23

; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9914861.1
; PRIOR FILING DATE: 1998-06-25
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 27
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 1315
; TYPE: PRP
; ORGANISM: Clostridium tetani
US-10-018-997-1

Query Match 99.8%; Score 2451; DB 24; Length 1315;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3e-220;
Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 2 VSTPIPSYSKNDLQWVNEEDIDVILKSTILNDINNDIISDLSGFSVITTPDAQ 61
Db 854 VSTPIPSYSKNDLQWVNEEDIDVILKSTILNDINNDIISDLSGFSVITTPDAQ 913
QY 62 LVPNGKAIHLVNNSESEVYHKAMDIEYNDMFNNFTVSFWLRVKSASHLEOYGTNE 121
Db 914 LVPNGKAIHLVNNSESEVYHKAMDIEYNDMFNNFTVSFWLRVKSASHLEOYGTNE 973
QY 122 YSIISMKKHSLISGSGWSVSLKGNLITWLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWF 181
Db 974 YSIISMKKHSLISGSGWSVSLKGNLITWLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWF 1033
QY 182 ITTNDRISSANLYINGVYMSAEITGLGAIREDNNITLKLDCNNOYVSIDKRFIFC 241
Db 1034 ITTNDRISSANLYINGVYMSAEITGLGAIREDNNITLKLDCNNOYVSIDKRFIFC 1093
QY 242 KALNKEIEKLYTSYSLTFELDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVLKNTIDMYLTN 301
Db 1094 KALNKEIEKLYTSYSLTFELDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVLKNTIDMYLTN 1153
QY 302 APSYNGKLNITYRRLYNGLKFIIKRYTPNNEIDSFVKSQDFIKLYSVNNNEHIVGPK 361
Db 1154 APSYNGKLNITYRRLYNGLKFIIKRYTPNNEIDSFVKSQDFIKLYSVNNNEHIVGPK 1213
QY 362 DGNMNNLDRIILRVGNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTVSVOLKLYDKNASGLVGTHNG 421
Db 1214 DGNMNNLDRIILRVGNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTVSVOLKLYDKNASGLVGTHNG 1273
QY 422 QIGNDPNDRIILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 463
Db 1274 QIGNDPNDRIILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 1315

RESULT 6

US-10-241-596-141
; Sequence 141, Application US/10241596
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Microbiological Research Authority
; APPLICANT: The Speywood Laboratory Limited
; TITLE OF INVENTION: Recombinant Toxin Fragments
; FILE REFERENCE: 1581.0130003
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/241,596
; CURRENT FILING DATE: 2002-09-12
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/255,829
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/242,689
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB97/02273
; PRIOR FILING DATE: 1997-08-22
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/782,893
; PRIOR FILING DATE: 1996-12-27
; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9625996.5
; PRIOR FILING DATE: 1996-12-13
; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9617671.4
; PRIOR FILING DATE: 1996-08-23
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 175
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 141
; LENGTH: 1315

```

; TYPE: PRT
; ORGANISM: Clostridium tetani
US-10-241-596-141

```

```

Query Match          99.8%; Score 2451; DB 26; Length 1315;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3e-220;
Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```

```

QY 2 VFSTPIPFYSKNDLCWVNEEDIDVILKSKSTLNDINNDIISDISGNSSVITPPDAQ 61
   |||||
DB 854 VFSTPIPFYSKNDLCWVNEEDIDVILKSKSTLNDINNDIISDISGNSSVITPPDAQ 913
QY 62 LVPNGKAHILVNNESSEVIVHKAMDIEYNDFNFTVSVFMLRPVKVASHLEQGTNE 121
   |||||
DB 914 LVPNGKAHILVNNESSEVIVHKAMDIEYNDFNFTVSVFMLRPVKVASHLEQGTNE 973
QY 122 YSIISMKHSLISIGSGVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWVF 181
   |||||
DB 974 YSIISMKHSLISIGSGVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWVF 1033
QY 182 ITITNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLCAIRDNNITLKLDRCNNNOYVSIDKFRIFC 241
   |||||
DB 1034 ITITNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLCAIRDNNITLKLDRCNNNOYVSIDKFRIFC 1093
QY 242 KALNPKETIKLTSYSTIFLDRDFWGNPLRYDEYVLIIPVASSSKDVOQLKNTIDMYLTN 301
   |||||
DB 1094 KALNPKETIKLTSYSTIFLDRDFWGNPLRYDEYVLIIPVASSSKDVOQLKNTIDMYLTN 1153
QY 302 AASYTGKLNITYRRLYNGLKFIKRYTPNNEIDSEFKSGDFIKLYVSYNNNEHIYGPYK 361
   |||||
DB 1154 AASYTGKLNITYRRLYNGLKFIKRYTPNNEIDSEFKSGDFIKLYVSYNNNEHIYGPYK 1213
QY 362 DGNAFNMLDRILRVGNAPGIPLYKMEAVKLDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGHNG 421
   |||||
DB 1214 DGNAFNMLDRILRVGNAPGIPLYKMEAVKLDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGHNG 1273
QY 422 QIGNDPNRDLILASNMVFNHLKDKIIGCDMYEVPPTDEGWTND 463
   |||||
DB 1274 QIGNDPNRDLILASNMVFNHLKDKIIGCDMYEVPPTDEGWTND 1315

```

```

RESULT 7
US-09-791-537-117345
; Sequence 117345, Application US/09791537
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Bionomix, Inc.
; APPLICANT: Debe, Derek
; APPLICANT: Danzer, Joseph
; TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY MEMB
; FILE REFERENCE: 261/210
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-22
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 117345
; LENGTH: 452
; TYPE: PRT
; ORGANISM: pdb 1AF9
US-09-791-537-117345

```

```

Query Match          97.4%; Score 2393; DB 21; Length 452;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1.6e-215;
Matches 451; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```

```

QY 13 KNDCWVNEEDIDVILKSKSTLNDINNDIISDISGNSSVITPPDAQVLPNGKAH 72
   |||||
DB 2 KNDCWVNEEDIDVILKSKSTLNDINNDIISDISGNSSVITPPDAQVLPNGKAH 61
QY 73 LVNNESEVIVHKAMDIEYNDFNFTVSVFMLRPVKVASHLEQGTNEYISISMKHS 132
   |||||
DB 62 LVNNESEVIVHKAMDIEYNDFNFTVSVFMLRPVKVASHLEQGTNEYISISMKHS 121

```

```

QY 133 LSIISGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWVFITITNDRLSSA 192
   |||||
DB 122 LSIISGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWVFITITNDRLSSA 181
QY 193 NLVINGVLMGSAEITGLCAIRDNNITLKLDRCNNNOYVSIDKFRIFCKALNPKETIKL 252
   |||||
DB 182 NLVINGVLMGSAEITGLCAIRDNNITLKLDRCNNNOYVSIDKFRIFCKALNPKETIKL 241
QY 253 YTSYSTIFLDRDFWGNPLRYDEYVLIIPVASSSKDVOQLKNTIDMYLNPASTNGKLN 312
   |||||
DB 242 YTSYSTIFLDRDFWGNPLRYDEYVLIIPVASSSKDVOQLKNTIDMYLNPASTNGKLN 301
QY 313 YRRLYNGLKFIKRYTPNNEIDSEFKSGDFIKLYVSYNNNEHIYGPYKDGNAFNLDRI 372
   |||||
DB 302 YRRLYNGLKFIKRYTPNNEIDSEFKSGDFIKLYVSYNNNEHIYGPYKDGNAFNLDRI 361
QY 373 LRVGNAPGIPLYKMEAVKLDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGHNGQIGNDPNRDL 432
   |||||
DB 362 LRVGNAPGIPLYKMEAVKLDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGHNGQIGNDPNRDL 421
QY 433 IASNMVFNHLKDKIIGCDMYEVPPTDEGWTND 463
   |||||
DB 422 IASNMVFNHLKDKIIGCDMYEVPPTDEGWTND 452

```

```

RESULT 8
US-09-594-985A-11
; Sequence 11, Application US/09594985A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Barbra-Gulliem, Emilio
; APPLICANT: Nelson, M. Bud
; TITLE OF INVENTION: Vaccine formulations and methods for immunizing an
; FILE REFERENCE: B-25nd
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/594,985A
; CURRENT FILING DATE: 2000-09-12
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/139,521
; PRIOR FILING DATE: 1999-06-16
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
; SOFTWARE: WordPerfect
; SEQ ID NO 11
; LENGTH: 661
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Artificial sequence
; FEATURE:
; NAME/KEY:
; LOCATION:
; OTHER INFORMATION: synthesized
US-09-594-985A-11

```

```

Query Match          97.2%; Score 2387.5; DB 19; Length 661;
Best Local Similarity 95.2%; Pred. No. 9.8e-215;
Matches 453; Conservative 2; Mismatches 2; Indels 19; Gaps 1;

```

```

QY 7 IPFYS-----KNDCWVNEEDIDVILKSKSTLNDINNDIISDI 47
   ||:|
DB 186 VFPRSGSGVWDLFSPHNPNGLEKNLDCWVNEEDIDVILKSKSTLNDINNDIISDI 245
QY 48 SGFNSSVITPPDAQVLPNGKAHILVNNESSEVIVHKAMDIEYNDFNFTVSVFMLRPV 107
   |||||
DB 246 SGFNSSVITPPDAQVLPNGKAHILVNNESSEVIVHKAMDIEYNDFNFTVSVFMLRPV 305
QY 108 KVSASHLEQGTNEYISISMKHSLSIGSGVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDL 167
   |||||
DB 306 KVSASHLEQGTNEYISISMKHSLSIGSGVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDL 365
QY 168 PDKFNAYLANKWVFITITNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLCAIRDNNITLKLDRCNN 227
   |||||
DB 366 PDKFNAYLANKWVFITITNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLCAIRDNNITLKLDRCNN 425
QY 228 NNQOYSIDKFRIFCKALNPKETIKLTSYSTIFLDRDFWGNPLRYDEYVLIIPVASSSKD 287
   |||||
DB 426 NNQOYSIDKFRIFCKALNPKETIKLTSYSTIFLDRDFWGNPLRYDEYVLIIPVASSSKD 485

```

QY 288 VOLKNTDYMILNAPSYTNGKLNLYRRRLYNGLKFIKRYTPNNEIDSFVKSDFIKLY 347
DB 486 VOLKNTDYMILNAPSYTNGKLNLYRRRLYNGLKFIKRYTPNNEIDSFVKSDFIKLY 545
QY 348 VSVNNHHIYGPDPGNAFNNLDRIIRVGYNAPGIPLYKKMEAVKRLDKTYSVOLKLYD 407
DB 546 VSVNNHHIYGPDPGNAFNNLDRIIRVGYNAPGIPLYKKMEAVKRLDKTYSVOLKLYD 605
QY 408 DKNASLGLVTHNGQIGNDPNRDLILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 463
DB 606 DKNASLGLVTHNGQIGNDPNRDLILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 661

RESULT 9
US-09-594-985A-10
; Sequence 10, Application US/0954985A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Barbera-Guillem, Emilio
; APPLICANT: Nelson, M. Bud
; TITLE OF INVENTION: Vaccine formulations and methods for immunizing an
; TITLE OF INVENTION: Individual against shed antigen-specific B cells
; FILE REFERENCE: B-25np
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/594,985A
; CURRENT FILING DATE: 2000-09-12
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/139,521
; PRIOR FILING DATE: 1999-06-16
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
; SOFTWARE: Wordperfect
; SEQ ID NO 10
; LENGTH: 453
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Clostridium tetani
US-09-594-985A-10

Query Match 97.1% Score 2385; DB 19; Length 453;
Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 9.4e-215;
Matches 450; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY 13 KNLDCWVNEEDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITTPDAQVPGINGKAIH 72
DB 3 KNLDCWVNEEDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITTPDAQVPGINGKAIH 62
QY 73 LVNNSSEVIVKAMDIENDMFNFTVSFWLVRPKVSASHLEQYGTNEYSISSMKKHS 132
DB 63 LVNNSSEVIVKAMDIENDMFNFTVSFWLVRPKVSASHLEQYGTNEYSISSMKKHS 122
QY 133 LSISGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFPDLDPKFNAYLANKWVFTTTNDRLSSA 192
DB 123 LSISGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFPDLDPKFNAYLANKWVFTTTNDRLSSA 182
QY 193 NLYINGVLMGSAEITGLAIRDNNITTLKLDRCNNNNQYVSIDKFRIFCKALNPKETLEK 252
DB 183 NLYINGVLMGSAEITGLAIRDNNITTLKLDRCNNNNQYVSIDKFRIFCKALNPKETLEK 242
QY 253 YTSYLSITFLRPFMGNPLDYDEEYLIIPVASSKDVOLKNTIDYMLTNAPSTYNGKLN 312
DB 243 YTSYLSITFLRPFMGNPLDYDEEYLIIPVASSKDVOLKNTIDYMLTNAPSTYNGKLN 302
QY 313 YRRLYNGLKFIKRYTPNNEIDSFVKSDFIKLYSVYNNNEHIVGYPKDGNAFNNLDRI 372
DB 303 YRRLYNGLKFIKRYTPNNEIDSFVKSDFIKLYSVYNNNEHIVGYPKDGNAFNNLDRI 362
QY 373 LRVGNAGIPLYKKMEAVKRLDKTYSVOLKLYDDKNASLGLVTHNGQIGNDPNRDL 432
DB 363 LRVGNAGIPLYKKMEAVKRLDKTYSVOLKLYDDKNASLGLVTHNGQIGNDPNRDL 422
QY 433 IASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 463
DB 423 IASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 453

US-09-791-537-49098
; Sequence 49098, Application US/09791537
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Biomimix, Inc.
; APPLICANT: Debe, Derek
; APPLICANT: Danzer, Joseph
; TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY ME
; TITLE OF INVENTION: METHODS OF USE THEREOF
; FILE REFERENCE: 261/210
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-22
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 49098
; LENGTH: 469
; TYPE: PRT
; ORGANISM: pdb 1D0HA
US-09-791-537-49098

Query Match 95.6% Score 2349; DB 21; Length 469;
Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 2.4e-211;
Matches 444; Conservative 1; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 19 VNEEDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITTPDAQVPGINGKAIHVNNS 78
DB 25 VNEEDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITTPDAQVPGINGKAIHVNNS 84
QY 79 SEVIVKAMDIENDMFNFTVSFWLVRPKVSASHLEQYGTNEYSISSMKKHSLSIGSG 138
DB 85 SEVIVKAMDIENDMFNFTVSFWLVRPKVSASHLEQYGTNEYSISSMKKHSLSIGSG 144
QY 139 MVSLSKGNLIMTLKDSAGEVROITFPDLDPKFNAYLANKWVFTTTNDRLSSANLYNG 198
DB 145 MVSLSKGNLIMTLKDSAGEVROITFPDLDPKFNAYLANKWVFTTTNDRLSSANLYNG 204
QY 199 VLMGSAEITGLAIRDNNITTLKLDRCNNNNQYVSIDKFRIFCKALNPKETLEKLYSYLS 258
DB 205 VLMGSAEITGLAIRDNNITTLKLDRCNNNNQYVSIDKFRIFCKALNPKETLEKLYSYLS 264
QY 259 ITFLRDFMGNPLRYTTEYLLIPVASSKDVOLKNTIDYMLTNAPSYTNGKLNLYRRLY 318
DB 265 ITFLRDFMGNPLRYTTEYLLIPVASSKDVOLKNTIDYMLTNAPSYTNGKLNLYRRLY 324
QY 319 NGLKFIKRYTPNNEIDSFVKSDFIKLYSVYNNNEHIVGYPKDGNAFNNLDRIIRVGYN 378
DB 325 NGLKFIKRYTPNNEIDSFVKSDFIKLYSVYNNNEHIVGYPKDGNAFNNLDRIIRVGYN 384
QY 379 APGIPLYKKMEAVKRLDKTYSVOLKLYDDKNASLGLVTHNGQIGNDPNRDLILASNMWY 438
DB 385 APGIPLYKKMEAVKRLDKTYSVOLKLYDDKNASLGLVTHNGQIGNDPNRDLILASNMWY 444
QY 439 FNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 463
DB 445 FNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 469

RESULT 11
US-09-791-537-49588
; Sequence 49588, Application US/09791537
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Biomimix, Inc.
; APPLICANT: Danzer, Joseph
; APPLICANT: Debe, Derek
; TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY ME
; TITLE OF INVENTION: METHODS OF USE THEREOF
; FILE REFERENCE: 261/210
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-22
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 49588
; LENGTH: 444
; TYPE: PRT

ORGANISM: pdb 1DFQA
US-09-791-537-49588

Query Match 95.6%; Score 2348; DB 21; Length 444;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2,7e-211;
Matches 444; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 20 DNEEDIDVLKSTILNDINDIISDISGFNSVITYTPDAQLVPGINGKAHLVNNSS 79
DB 1 DNEEDIDVLKSTILNDINDIISDISGFNSVITYTPDAQLVPGINGKAHLVNNSS 60
QY 80 EYIVKAMDIENDMFNNTFVFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGW 139
DB 61 EYIVKAMDIENDMFNNTFVFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGW 120
QY 140 SVSLGNNLIWTLKDSAGEVRQITFRDLDPKFNAYLANRWFTITINDRLSSANLYNGV 199
DB 121 SVSLGNNLIWTLKDSAGEVRQITFRDLDPKFNAYLANRWFTITINDRLSSANLYNGV 180
QY 200 LMGSAEITGLAIRDNNTTLKIDRCNNNNQVYSIDKFRIFECALNPEKELEKLYSTLSI 259
DB 181 LMGSAEITGLAIRDNNTTLKIDRCNNNNQVYSIDKFRIFECALNPEKELEKLYSTLSI 240
QY 260 TELRDGMPLEARDTEYYLLIPVASSSKDVQKNTIDYMYLTNAPSYNGKLNITYRRLYN 319
DB 241 TELRDGMPLEARDTEYYLLIPVASSSKDVQKNTIDYMYLTNAPSYNGKLNITYRRLYN 300
QY 320 GLKFIIRKRYTPNNEIDSPVKSDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRLRVGYN 379
DB 301 GLKFIIRKRYTPNNEIDSPVKSDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRLRVGYN 360
QY 380 PGILPKKMEAVKLRDLKTYVOLKLYDKNASISGLVGTNGQINDPNDRIILASWYF 439
DB 361 PGILPKKMEAVKLRDLKTYVOLKLYDKNASISGLVGTNGQINDPNDRIILASWYF 420
QY 440 NHLKDKILGDMWFVPTDEGWTND 463
DB 421 NHLKDKILGDMWFVPTDEGWTND 444
```

RESULT 12
US-09-791-537-49595
Sequence 49595, Application US/09791537
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Biomimix, Inc.
APPLICANT: Debe, Derek
TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY MEMB
FILE REFERENCE: 261/210
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
CURRENT FILING DATE: 2001-02-22
NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
SOFTWARE: PatentIn version 3.0
SEQ ID NO 49595
LENGTH: 441
TYPE: PRT
ORGANISM: pdb 1DLIA
US-09-791-537-49595

Query Match 94.9%; Score 2331; DB 21; Length 441;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1,1e-209;
Matches 441; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 23 EDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITYTPDAQLVPGINGKAHLVNNSSSEVI 82
DB 1 EDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITYTPDAQLVPGINGKAHLVNNSSSEVI 60
QY 83 VHKAMDIENDMFNNTFVFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGW 142
DB 61 VHKAMDIENDMFNNTFVFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGW 120
QY 143 LKGNLIWTLKDSAGEVRQITFRDLDPKFNAYLANRWFTITINDRLSSANLYNGVLMG 202
```

```
DB 121 LKGNLIWTLKDSAGEVRQITFRDLDPKFNAYLANRWFTITINDRLSSANLYNGVLMG 180
QY 203 SAEITGLAIRDNNTTLKIDRCNNNNQVYSIDKFRIFECALNPEKELEKLYSTLSIFL 262
DB 181 SAEITGLAIRDNNTTLKIDRCNNNNQVYSIDKFRIFECALNPEKELEKLYSTLSIFL 240
QY 263 RDEWGNPLRYDTEYYLLIPVASSSKDVQKNTIDYMYLTNAPSYNGKLNITYRRLYNGLK 322
DB 241 RDEWGNPLRYDTEYYLLIPVASSSKDVQKNTIDYMYLTNAPSYNGKLNITYRRLYNGLK 300
QY 323 FIIRKRYTPNNEIDSPVKSDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRLRVGYNAPGI 382
DB 301 FIIRKRYTPNNEIDSPVKSDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRLRVGYNAPGI 360
QY 383 PLYKMEAVKLRDLKTYVOLKLYDKNASISGLVGTNGQINDPNDRIILASWYFNLH 442
DB 361 PLYKMEAVKLRDLKTYVOLKLYDKNASISGLVGTNGQINDPNDRIILASWYFNLH 420
QY 443 KDKILGDMWFVPTDEGWTND 463
DB 421 KDKILGDMWFVPTDEGWTND 441
```

RESULT 13
US-09-791-537-49589
Sequence 49589, Application US/09791537
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Biomimix, Inc.
APPLICANT: Debe, Derek
TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY ME
FILE REFERENCE: 261/210
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
CURRENT FILING DATE: 2001-02-22
NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
SOFTWARE: PatentIn version 3.0
SEQ ID NO 49589
LENGTH: 441
TYPE: PRT
ORGANISM: pdb 1DLIA
US-09-791-537-49589

Query Match 94.7%; Score 2327; DB 21; Length 441;
Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 2,6e-209;
Matches 440; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 23 EDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITYTPDAQLVPGINGKAHLVNNSSSEVI 82
DB 1 EDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITYTPDAQLVPGINGKAHLVNNSSSEVI 60
QY 83 VHKAMDIENDMFNNTFVFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGW 142
DB 61 VHKAMDIENDMFNNTFVFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGW 120
QY 143 LKGNLIWTLKDSAGEVRQITFRDLDPKFNAYLANRWFTITINDRLSSANLYNGVLMG 202
DB 121 LKGNLIWTLKDSAGEVRQITFRDLDPKFNAYLANRWFTITINDRLSSANLYNGVLMG 180
QY 203 SAEITGLAIRDNNTTLKIDRCNNNNQVYSIDKFRIFECALNPEKELEKLYSTLSIFL 262
DB 181 SAEITGLAIRDNNTTLKIDRCNNNNQVYSIDKFRIFECALNPEKELEKLYSTLSIFL 240
QY 263 RDEWGNPLRYDTEYYLLIPVASSSKDVQKNTIDYMYLTNAPSYNGKLNITYRRLYNGLK 322
DB 241 RDEWGNPLRYDTEYYLLIPVASSSKDVQKNTIDYMYLTNAPSYNGKLNITYRRLYNGLK 300
QY 323 FIIRKRYTPNNEIDSPVKSDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRLRVGYNAPGI 382
DB 301 FIIRKRYTPNNEIDSPVKSDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRLRVGYNAPGI 360
QY 383 PLYKMEAVKLRDLKTYVOLKLYDKNASISGLVGTNGQINDPNDRIILASWYFNLH 442
```

Db 361 PLKMEAVKRLDRTKYSVQLKLYDDKNASLGLVGTNGOIGNDPNRDLILASWYFNL 420
QY 443 KDKILGCDWYFVPTDEGMTND 463
Db 421 KDKILGCDWYFVPTDEGMTND 441

RESULT 14

US-09-831-050-3
Sequence 3, Application US/09831050
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: SHONE, Clifford Charles
APPLICANT: SUTTON, John Mark
APPLICANT: HALLIS, Bassam
APPLICANT: SILMAN, Nigel
TITLE OF INVENTION: Delivery of Superoxide Dismutase to Neuronal Cells
FILE REFERENCE: 1581.080000
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/831,050
CURRENT FILING DATE: 1999-11-05
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB99/03699
NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
SEQ ID NO 3
LENGTH: 1067
TYPE: PR
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence:construct
US-09-831-050-3

Query Match 26.6%; Score 653.5; DB 22; Length 1067;
Best Local Similarity 33.1%; Pred. No. 2,6e-51;
Matches 163; Conservative 88; Mismatches 159; Indels 83; Gaps 18;

QY 4 STPIPSYSKNDLCWVNDNEDIDVILK-----KSTIINLDINDIISDGSFSSVITY 57
Db 617 STDIPOLSK-----YVDNORLSTFEYIKNIINISILMLRESNHLIDLSYASKINIG 672
QY 58 PDAQVPGINGKAHLVNNESSEVIVHKAMDEYNDMENNFTVSFWLVRPK-----VSASH 113
Db 673 SKVNDP-IDKNQIOLFLNLESSKIEVILKNAIVNSMWNENSTFWIRIPKFNISILN- 730
QY 114 LEQGTNEYSIISMKKHSLSIGGWSYSLKGNLIMTLKDSAGEVQITPR-----DLP 168
Db 731 -----NEYTIINCMEHN-----SGMKVSLNYGELIWTLODQTEIKQRYVFKYSQMINIS 779
QY 169 DFNAYLANKWFITITNDRLSSANLYINGVLMGSAETTGAIREDNNITLTKIDRCNNN 228
Db 780 D-----YI-NRWIEVYITNNRLNNSKIYINGRLIDOKPISNLGNHASNNTIMFKIDGCRDT 834
QY 229 NOYVSIKFRIFCKALNPKREIKLYTSITFLRDFWGNPLRDTLEYLIPVASSSKDV 288
Db 835 HRYIMWIKYFNLFDKELNEKEIKDYDQNSGILKDFWGDYLDYDKRYVMLNLYDPKRYV 894
QY 289 QLNK--ITDYMYLTNAPSYTNGKLNITYR-RLYNGLKFIIRYTPNNEIDSEFKSGDFTK 345
Db 895 DVANNVIGIRGYMTL-KGPRGSVMTTNTIYNSLSYRGTKFIKKYASGNK-DNTVRRNDRYV 952
QY 346 LLYSYNNNEHIWYPRKDGNAFNNLDRILRVGNAPGILPYKMEAVKLRDLK----- 397
Db 953 INVYVKNKEY-----RLATNASOAGVEKILSALEIPDYGNLSQVYV 994
QY 398 -----TYSVLKLYDDKNASLGLVGTNGOIGNDPNRDLILASWYFNLK--DKIL 447
Db 995 KSKNDGITNCKKMLQDNGNDIGFIGH--QFNNTIAK---LVASNNYNRQIERSSRTL 1049
QY 448 GCDWYFVPTDEGM 460
Db 1050 GCSWEFIPVDGM 1062

RESULT 15

US-09-831-050-6
Sequence 6, Application US/09831050
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: SHONE, Clifford Charles
APPLICANT: SUTTON, John Mark
APPLICANT: HALLIS, Bassam
APPLICANT: SILMAN, Nigel
TITLE OF INVENTION: Delivery of Superoxide Dismutase to Neuronal Cells
FILE REFERENCE: 1581.080000
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/831,050
CURRENT FILING DATE: 1999-11-05
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB99/03699
NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
SEQ ID NO 6
LENGTH: 1092
TYPE: PR
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence:construct
US-09-831-050-6

Query Match 26.6%; Score 653.5; DB 22; Length 1092;
Best Local Similarity 33.1%; Pred. No. 2,7e-51;
Matches 163; Conservative 88; Mismatches 159; Indels 83; Gaps 18;

QY 4 STPIPSYSKNDLCWVNDNEDIDVILK-----KSTIINLDINDIISDGSFSSVITY 57
Db 642 STDIPOLSK-----YVDNORLSTFEYIKNIINISILMLRESNHLIDLSYASKINIG 697
QY 58 PDAQVPGINGKAHLVNNESSEVIVHKAMDEYNDMENNFTVSFWLVRPK-----VSASH 113
Db 698 SKVNDP-IDKNQIOLFLNLESSKIEVILKNAIVNSMWNENSTFWIRIPKFNISILN- 755
QY 114 LEQGTNEYSIISMKKHSLSIGGWSYSLKGNLIMTLKDSAGEVQITPR-----DLP 168
Db 756 -----NEYTIINCMEHN-----SGMKVSLNYGELIWTLODQTEIKQRYVFKYSQMINIS 804
QY 169 DFNAYLANKWFITITNDRLSSANLYINGVLMGSAETTGAIREDNNITLTKIDRCNNN 228
Db 805 D-----YI-NRWIEVYITNNRLNNSKIYINGRLIDOKPISNLGNHASNNTIMFKIDGCRDT 859
QY 229 NOYVSIKFRIFCKALNPKREIKLYTSITFLRDFWGNPLRDTLEYLIPVASSSKDV 288
Db 860 HRYIMWIKYFNLFDKELNEKEIKDYDQNSGILKDFWGDYLDYDKRYVMLNLYDPKRYV 919
QY 289 QLNK--ITDYMYLTNAPSYTNGKLNITYR-RLYNGLKFIIRYTPNNEIDSEFKSGDFTK 345
Db 920 DVANNVIGIRGYMTL-KGPRGSVMTTNTIYNSLSYRGTKFIKKYASGNK-DNTVRRNDRYV 977
QY 346 LLYSYNNNEHIWYPRKDGNAFNNLDRILRVGNAPGILPYKMEAVKLRDLK----- 397
Db 978 INVYVKNKEY-----RLATNASOAGVEKILSALEIPDYGNLSQVYV 1019
QY 398 -----TYSVLKLYDDKNASLGLVGTNGOIGNDPNRDLILASWYFNLK--DKIL 447
Db 1020 KSKNDGITNCKKMLQDNGNDIGFIGH--QFNNTIAK---LVASNNYNRQIERSSRTL 1074
QY 448 GCDWYFVPTDEGM 460
Db 1075 GCSWEFIPVDGM 1087

Search completed: December 1, 2002, 11:30:35
Job time : 285 secs


```

Db      : 340 GAIWVANG-----KESGLVAVKKENIKLIDESVDSISATYNVDTNEKLD-NMYTN 392
Qy      : 230 QVYSIDKRIECCALNPRE---IEKLYTSYLSITFL-RDFWGNPLRYDTEYYLIIPVASS 285
Db      : 393 SSVT---FEVLKKGINSNEYELISOLJONSSTFTGTGQFW-----DLKELAIRVANG 443
Qy      : 286 KVOVKLNT-DYMYLT-NAPSYNGKLNYYRLYNGLKFLIKRYTPNNIDSP---VK 339
Db      : 444 FSKLINEISRDITITSLPLPTSSMTWYTLFTRSYD-----TDCGVDGDFSGVAE 494
Qy      : 340 SGEFLK-----LVSYNNNEHIQY-----PKDGNAPNNIDRLRYGVNAPGI 362
Db      : 495 KVDYKSLGVDVTWFLPFRKSKSYHGIEDYEDYDEPDTGLDLDNMIKV-LNENGI 551

RESULT 2
PCT-US02-34452-14
; Sequence 14, Application PC/TUS0234452
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: INCYTE GENOMICS, INC.
; APPLICANT: BAUGHN, Mariah R.
; APPLICANT: LEE, Ernestine A.
; APPLICANT: ELLIOTT, Vicki S.
; APPLICANT: DUGGAN, Brendan M.
; APPLICANT: LI, Joana X.
; APPLICANT: GRIFFIN, Jennifer A.
; APPLICANT: HAFALIA, April J.A.
; APPLICANT: DELEGANE, Angelo M.
; APPLICANT: LEE, Soo Yeun
; APPLICANT: BECHA, Shanya D.
; APPLICANT: RAMKUMAR, Jayalaxmi
; APPLICANT: KABLE, Amy E.
; APPLICANT: MARQUIS, Joseph P.
; APPLICANT: GURURAJAN, Rajagopal
; APPLICANT: SPRAGUE, William W.
; APPLICANT: YANG, Junming
; APPLICANT: GIETZEN, Kimberly J.
; APPLICANT: ZEBARJADIAN, Yeganeh
; APPLICANT: RICHARDSON, Thomas W.
; APPLICANT: JACKSON, Alan A.
; APPLICANT: JIANG, Xin
; TITLE OF INVENTION: VESICLE-ASSOCIATED PROTEINS
; FILE REFERENCE: PR-1254 PCT
; CURRENT APPLICATION NUMBER: PCT/US02/34452
; PRIOR FILING DATE: 2002-10-24
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/347,927
; PRIOR FILING DATE: 2001-10-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/332,908
; PRIOR FILING DATE: 2001-11-13
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/331,865
; PRIOR FILING DATE: 2001-11-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/342,604
; PRIOR FILING DATE: 2001-12-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/354,827
; PRIOR FILING DATE: 2002-02-06
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 40
; SOFTWARE: PERL Program
; SEQ ID NO 14
; LENGTH: 2852
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Homo sapiens
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc feature
; OTHER INFORMATION: Incyte ID No: 55004585CD1
PCT-US02-34452-14

Query Match      4.5%; Score 110.5; DB 1; Length 2852;
Best Local Similarity 21.1%; Pred. No. 0.26; 171; Indels 185; Gaps 31;
Matches 117; Conservative 82; Mismatches 171; Indels 185; Gaps 31;
Qy      13 KNDQWVDNEDDIDV-----ILKSTLIND-----INN-- 41
;:::| | | | |

```

```

Db      90 ESTNCVLDLEKCDITCOAEVMSMEFALIKKS-IRNLQYCEVGLVEKVGKIEKVDNMI 148
Qy      42 -DIISDIGNSSV-ITYDDALV-----PGINKAHLVNNSSSVIHKAMD 88
Db      149 ADLVMLGLVASYNLTVBELKLFESKLOGDKGRWPHAGKLSYL-----KHMP 198
Qy      89 IETN-DMF-----NFTVSFWLRVPRKVSASHLEQYGTNEYSLI 125
Db      199 QYGPDAEFNFPKSAALPLPIAKPYNQNGTFPHWLEMDPVNNI NVDKQFYLCEER 258
Qy      126 SSMKHSLISGWSVSLKGNMLTWLTKDSAGEVQRTTFNDLPDKENAYLANKAVFTTT 185
Db      259 TSK-----GLGSAHFVGGCLIVTSIKSKGQFOHCY-----KED-FEPQKWAVTV 305
Qy      186 N--DRLSANL--YINGVLMGSAEITGLAIREDNNITLKLDCNNNOYVSIDKRFIC 241
Db      306 HYNRMKNSLRCYVNGELASGEITWF-----VNSDFDKCFGLSSFEA-DANVFC 358
Qy      242 -----KALNPKETELKLYTSL-----STFLRD----- 264
Db      359 GOMNAVYLFSEALNAQIFAIFYOLGLGKGFKKRABSDLELAHKLILLYDGLSSAIA 418
Qy      265 FWGNPLRYDTEYYLIIPVASSKD-----VOLKNITDYM-YLTNAPSYNGKLN 312
Db      419 FTYNPRATDAQLCL--ESSPKDNPSTFVSPHALMDQVAVLTHSISAMHSIGGVQV 475
Qy      313 YYRLYNGLKFTIKRYTPNNIDSEFKSGDFIKLYSYNN-----EH-----IYGV 360
Db      476 LF-PLYQLDY---ROYLSDETLCSTLLAFIMESLKNISAMOEOMLACKGLVIGYS 531
Qy      361 KDGNAFNNIDRI--LRQYN-----APGIPLYKKM-EAVKRLD-----RTYSVOLKLY 406
Db      532 LEKSSKSHVSRVLELCFAFSKYSLSNLONGMFLKQLDHYLLNPAIWHIPAKVOLMLY 591
Qy      407 DDKNAS-LGLVGTNN 420
Db      592 TDLSTFICTVNTYN 606

RESULT 3
US-10-092-411A-2993
; Sequence 2993, Application US/10092411A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Lynn Doucette-Stamm et al
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO STAPHYLOCOCC
; FILE REFERENCE: 032796-101
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/092,411A
; PRIOR FILING DATE: 2002-03-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/134,001
; PRIOR FILING DATE: 1998-08-13
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/064,964
; PRIOR FILING DATE: 1997-11-08
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/055,779
; PRIOR FILING DATE: 1997-08-14
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5676
; SEQ ID NO 2993
; LENGTH: 912
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Staphylococcus epidermidis
US-10-092-411A-2993

Query Match      4.4%; Score 108.5; DB 6; Length 912;
Best Local Similarity 19.8%; Pred. No. 0.067;
Matches 112; Conservative 68; Mismatches 172; Indels 213; Gaps 30;
Qy      18 WVDNEDID-----VLKSTLINDNDIISDIGNSSVITYDDALVPGINKAHL 73
Db      164 YNDNCEYVNDNSRYTEKRPV---IENKYYEITFRNANDKTSKYERLI-----GYSKHR 216
Qy      74 VNNESEVIVHRAMDIY-----NDM-----FNNFT--VSFWLRVPRKVSASH 113
Db      217 INTNVAVKALMGTISYIGIKANVLIINDYELISIRPCEFNFAKIDYDL--KLOSNNH 273
;:::| | | | |

```

QY 114 LEQYGTNEYIISMKK-----HSL-----SIGSG-----WSVSLKGNL 148
 Db 274 -----NEYKMLKMLKEFNLHLLDIVLDDDEFNELECSVNSSESANININVLRLARY 327
 QY 149 IWTLDKDSAGEVROITFDLPDKFNAYLANKWVFTITINDRLSSANLYNGVLMGSAEITG 208
 Db 328 ILLNKSGANVRLTLF-----VFNRLIRLQLPYN----- 357
 QY 209 LGAIREDNNITLRLDRCNNNOYVYIDK--FRLECKALNPEIEKLTSTYSITF----- 261
 Db 358 -----RNKCYLKSMLILDKCVPDQMPETASLKGNP-----NITLLLOCIEYKGREY 406
 QY 262 -----LRDFWGNPLKRYDTEYIIPVASSKDVOLKNITDYMILTANPSYTNKGLNITYRRLY 318
 Db 407 ELLVRRIQKNLTKNKKRY-----TSKEETEOYGVNML-----IDKTYNN--NLY----- 449
 QY 319 NGLEFKIRYTPNNEIDSPKSGDFIKLY-----VSTNNNEHLYGVYKD----- 362
 Db 450 -----KHPRELEHSF-----GDKTYLYENEOSSIMSTIKILLSNESEGVSNVFEW 498
 QY 363 -GNAFNLD-----RILR-----VGYNAPGIP-----LYKK----- 387
 Db 499 LNNEYSLDCKEKEILLRNFNSKISMVGAAGTGKSTLINHCNFEYDKDVIYIANTN 558
 QY 388 -----MEAVKILDLKTYVOLKLYDDKNASLGLVGTHNGOIGN-DENRDLIASNWF- 439
 Db 559 TAVDNIRKRIKISNKTSTISKFLYNDKERYDLLIDEAGTVSNKDMNR--ILENKQFE 615
 QY 440 -----NHLKDKILGDMVYFPTD 457
 Db 616 LLLIVGDNYQIESIDCGNFEIAXD 640

RESULT 4 US-09-134-000C-6204

Sequence 6204, Application US/09134000C
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Lynn Doucette-Stamm et al
 TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO
 TITLE OF INVENTION: ENTEROCOCCUS FAECALIS FOR DIAGNOSTICS AND THERAPEUTICS
 FILE REFERENCE: 032796-032
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/134,000C
 CURRENT FILING DATE: 1998-08-13
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/055,778
 PRIOR FILING DATE: 1997-08-15
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 6812
 SOFTWARE: PatentIn version 3.1
 SEQ ID NO 6204
 LENGTH: 1015
 TYPE: PRY
 ORGANISM: Enterococcus faecalis
 US-09-134-000C-6204

Query Match 4.4%; Score 107.5; DB 5; Length 1015;
 Best Local Similarity 18.4%; Pred. No. 0.099;
 Matches 88; Conservative 81; Mismatches 153; Indels 155; Gaps 24;

QY 41 NDIIS-DISGNSSVITPPDAOLVPGINGKAIHLVNNESSEYIVKRAMDIEYN----- 92
 Db 254 NQVLSKEDSTNOALVDY-----VOKISNEATE--LDQTNKKEFNRSYIWP 298
 QY 93 -----DMENFTVSVHVLVPRVVSASHLEOYGTNEYSIISMKKHSI----- 135
 Db 299 EPGNTPSADLTTOGT-----KLOKLAIA-----YGTGKSTLYODDKLAATIIDGLDFMTQ 349
 QY 136 -----GSGW-----SVSLKGNLITWLDKDSAGEVROITFRD-----LPDKFN----- 172
 Db 350 KGVDKKYHGMMDMOIGVPGKFLNIIMLEDKYSPKQOYITNALSIVDPDFQOLYTK 409
 QY 173 -----ATLANKWVITITNDRLSSANLYNGVLMGSAEITGALIREDDNNITLKLDR 224
 Db 410 PGTEVDLAETIPN--FVTSKANRTDLA-----LTVLGIGILQKDSG--KINQ 452

QY 225 CANNNOYVSIKFRICKALNPEIEKLYTSYITFLDRDFWGNPLRYDTEYILIPVASS 284
 Db 453 ASSS-----IVDFEKLVTKGDGFYO--DGSEFIOHNNIPYTGSY--GNVLKGVQOILLATADS 506
 QY 285 SKDVOLKNITDYN-----YLTNAPSTNCKLNITYRRLNGL 321
 Db 507 SPOMATLITVEVENVDRAFLPLITYGEMLPYNGRSISRAPAV--GKTGYGSTMVNL 564
 QY 322 KTIIRYTPNNEIDSPKSGDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAPNLDRLRY----- 375
 Db 565 --IVAKFAFNMYQKRFQEA-----VKYWMKENPDYLLNADFNLDQMTMOLLTPET 615
 QY 376 -GYNAP--GIPLYKKEAVKRLDKTYVOLKLYDDKNASLGLVGTHNGOIGNDPNR 429
 Db 616 TGGQLPFTGTKLYASMDRFVOR--TPSYMGLGLYSKRTASF-----EAGNKENK 663

RESULT 5 US-09-640-419C-28

Sequence 28, Application US/09640419C
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Bidney, Dennis L
 APPLICANT: Crasta, Oswald R
 APPLICANT: Hu, Xu
 APPLICANT: Lu, Guohua
 TITLE OF INVENTION: DEFENSE-RELATED SIGNALING GENES AND METHODS OF USE
 FILE REFERENCE: 35718/199009 (5718-92)
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/640,419C
 CURRENT FILING DATE: 2000-08-17
 PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/149,656
 PRIOR FILING DATE: 1999-08-18
 PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/206,405
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 28
 SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
 SEQ ID NO 28
 LENGTH: 1749
 TYPE: PRY
 ORGANISM: Synecchocystis PCC6803
 US-09-640-419C-28

Query Match 4.4%; Score 107.5; DB 5; Length 1749;
 Best Local Similarity 20.6%; Pred. No. 0.23;
 Matches 99; Conservative 72; Mismatches 185; Indels 125; Gaps 24;

QY 19 VDNEDIDVILKKTITL--LDI--NDIISDISGNSV--ITYPDAOLV----- 63
 Db 1245 IDDERQISFDERSTVNTPSLEIQSDTVPGINTFSANVGNIPTNOVVLQOQLENVE 1304
 QY 64 PGINGK-AIHLVNNESSEYI--VHKAMDIEYNDMMNFTVSVLWPKVVSASHLEOYGTN 120
 Db 1305 ESISAQFTSHLNLNIDELVAVPVLOELNLTGVSALVYIFYFPGTAGENLP----- 1359
 QY 121 EYSIISMKKHSISIGGSWSYSLKGNLITWLDKDSAGEVROITFDLPDKFNAYLANKW 180
 Db 1360 EMOLSSDSEPAIPVGVYAKV-----HMQMASTEOI-----IPPNDPRDDQLV 1406
 QY 181 FITTNDRLSSANLYNGVLMGSAEITGLGAIREDDNNITLKLDRCNNNOY--VSIDKFR 238
 Db 1407 IYVVTADGIASP--IPLN-----VSRREVIRQVEMLRNLTAAIRGDNYQOQASQLYD 1457
 QY 239 IFCK--ALNPEIEKLYTSYITFLDRDFWGNPLRDRDTEY-----YLIPVASS--K 286
 Db 1458 WFLKPIKILLENKKIE-----NISFILDRGLSLPMAIWDROSQOYLIEDYSVGLMP 1510
 QY 287 DVOLKNITDYMILTANPSYTN-----KLNIYRRLYNGLEKFIIRKRYTPN 331
 Db 1511 SLSLTN-RDYAPLTLGAOILLMGAEEFANQNDLPAAVAEVDITITQLMGSAFLNDRFT-- 1567
 QY 332 NEIDSPVKS-----GDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAPNLDRLRYGV 377
 Db 1568 --VDNFOSLATKEYRLVHLATHGELP--GNRNNSEFVFSDRS--LDLDEFANVGL 1618

QY 378 NAGPIPLXKMEAVKLRDLKTYVOLKLYDDKNASLGLVTHNGOIGDNDPNDLIASNM 437
Db 1619 DKP-----IDLMVLSACRTAVGDFDDELGFAG-----LAVYTGKTAIGSLM 1660
QY 438 Y 438
Db 1661 Y 1661

RESULT 6
US-09-865-294A-4
; Sequence 4, Application US/09865294A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Wang, Chang Yi
; TITLE OF INVENTION: Immunogenic peptide composition as vaccines for the prevention an
; FILE OF INVENTION: Alzheimer's Disease
; FILE REFERENCE: 1151-4167
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/865,294A
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 77
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 4
; LENGTH: 22
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Clostridium tetani
US-09-865-294A-4

Query Match 4.4%; Score 107; DB 5; Length 22;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0.00027;
Matches 20; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 95 FNNFTVSEWLRPKVSASHL 114
Db 3 FNNFTVSEWLRPKVSASHL 22

RESULT 7
US-09-733-524A-5
; Sequence 5, Application US/09733524A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Taylor, Diane E.
; APPLICANT: Ge, Zhongming
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACIDS ENCODING ALPHA-1,3
; FILE OF INVENTION: FLUCOSTATANSERASES AND EXPRESSION SYSTEMS FOR MAKING AND
; FILE REFERENCE: 07254-049002
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/733,524A
; CURRENT FILING DATE: 2000-12-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/092,315
; PRIOR FILING DATE: 1998-06-05
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/048,857
; PRIOR FILING DATE: 1997-06-06
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 27
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 5
; LENGTH: 476
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Helicobacter pylori
US-09-733-524A-5

Query Match 4.2%; Score 104; DB 5; Length 476;
Best Local Similarity 22.0%; Pred. No. 0.066;
Matches 99; Conservative 65; Mismatches 164; Indels 122; Gaps 25;

QY 1 MVESTPIPEFSKMDQVNE-----EDIDVLKSTIINDIINDIISDI-----SG 49
Db 18 MYSKSPPEPLKIAVANWMDKEIKFSSVLYLISQRYATLHONPSSDLVFSNPLG 77
QY 50 FNSSVITYPDAQLVPGINGKAIHLVNNESSEV-IYHKAM--DIEYNDMFNFTVSEWLR 105
Db 78 AAKRTLSQNTK-----RVFTYGENSPNPNLEDAVIGRDELDFNDRY-----LR 122

QY 106 VPKVAS--HLEQGTENEYSIISSMKKHSLSIGSWSLKGN--NLIMTLKDSAGEVRQI 162
Db 123 MPLYLAHLHYEALVNDITAPYKLDKNSLYALKRPSHHKKNHPNLCAVANNDESPLKRG 182
QY 163 TFRDLPDKFNAYLANRWFTITNDRLSSANLYINGVLMGSAETIGLAIRDNNITTLK 222
Db 183 FASFYASNNAMPNNAFY-----DALNSIE-----PYTGGGSVR--NLTGYKV 223
QY 223 DRCNNNNQVSDKFRIFCKALNPK-----EIEKITSYLSITFLRDFMGNPLRYDTEYVL 278
Db 224 ---GNKSEFLSQKFNLCPE--NSQGYVTRKIDAYFSHT--IPIYKSP----- 268
QY 279 IPVASSKDVOLK---NINDMYLTNA---PSYTNCKLIYVRLYNGIKFTIKRYTPNN 332
Db 269 ---SVAKDFNPKSFVNVHDFNNDEAIDYIKYLRHPNAYLDMLEY-----NPLN 315
QY 333 ETD-----SPVKSQGFILYVS-----YNNNEIIVCPDGNMFNMLRILRYGYNA 379
Db 316 TLDGKAFYQDLSFKKIDLFETITENDTIVHNPFIY--YRDLHEPLISID--LRVNYD- 372
QY 380 PGIPILXKMEAVKLRDLKTYVOLKLYDD 408
Db 373 -----DLRVNYDDLRYNYDD 387

RESULT 8
US-09-403-343B-20
; Sequence 20, Application US/09403343B
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: JOLIVET-RENAUD, COLETTE
; APPLICANT: PERRON, HERVE
; APPLICANT: MANDRAND, BERNARD
; TITLE OF INVENTION: POLYPEPTIDE CAPABLE OF REACTING WITH ANTIBODIES OF
; FILE OF INVENTION: PATIENTS SUFFERING FROM MULTIPLE SCLEROSIS AND USES
; FILE REFERENCE: 104574
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/403,343B
; CURRENT FILING DATE: 1999-10-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: FR/97/05679
; PRIOR FILING DATE: 1997-04-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: FR/97/16870
; PRIOR FILING DATE: 1997-12-31
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/FR98/00870
; PRIOR FILING DATE: 1998-04-29
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 34
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 20
; LENGTH: 565
; TYPE: PRT
; ORGANISM: MSRV
US-09-403-343B-20

Query Match 4.2%; Score 103.5; DB 5; Length 565;
Best Local Similarity 21.0%; Pred. No. 0.096;
Matches 76; Conservative 48; Mismatches 113; Indels 125; Gaps 17;

QY 51 NSSVITTPDAQLVPGINGKAIHL-----VNNSESEVYIHKAMDIEYNDMFNFTVSEWLR 105
Db 85 NQEVVTEDELAIHLKKNYKEVSLDLSNLANEISEFVRH-----NNIYVAKAIL 133
QY 106 VPKVASHLDEQGTENEYSIISSMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVRQIFR 165
Db 134 PPQ-----EIEQ-----GTVKILLKGNVGEIRLQNH 161
QY 166 DLPKFNAYLANRWFTIT--TTNDRSSANLYN-----GYLMGSAETIGLAIRDN 216
Db 162 ALSNKFVSRLSNTVTNVTSEFLKDELKFAITINDVPGVNAQLDLSAKKYG-----EA 215
QY 217 NITLTKDCCNNNNQVSD-----KFRIFCKALNPKETIKTYSTLSTFLRDFWGN 268
Db 216 NLLKTKINDAKRFSVSVVDNQGKTYGRYLAAGI-----KVSNL-----NGMCD 260
QY 269 PLRYDTEYLLIPVASSSKDVOLKNI--TDYMYLTNAPS-----YTNCKLIYVRLRYN 319

Db 261 ELKLD-----LMSNQANLKNARIDYSSLDGYSTRGVANTYLDYKLGNEFKLSQS 312
 QY 320 -GLKFTIKRY-----TPNNEIDSEFKSGDFIKLYSYNN-----NEHIVGPKDGNMFN 367
 Db 313 OGHSHLGLAVLHPTIRTPFRIST-----KSFNHQNLITKQOAVYVKKRKRIN 362
 QY 368 NL 369
 Db 363 SL 364

RESULT 9
 US-10-092-411A-4054

; Sequence 4054, Application US/10092411A
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Lyn Doucette-Stamm et al
 ; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO STAPHYLOCOCCUS
 ; FILE REFERENCE: 032796-101
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/092,411A
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-03-07
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/134,001
 ; PRIOR FILING DATE: 1998-08-13
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/064,964
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-11-08
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/055,779
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5676
 ; SEQ ID NO 4054
 ; LENGTH: 699
 ; TYPE: PR
 ; ORGANISM: Staphylococcus epidermidis
 US-10-092-411A-4054

Query Match
 Best Local Similarity 4.2%; Score 102; DB 6; Length 699;
 Matches 90; Conservative 73; Mismatches 184; Indels 122; Gaps 21;

QY 19 VDNEEDIVILKSTIILN-LDINDIT---SDISGFNSVITTPDAQLVPGINGKAHILV 74
 Db 82 VNESNDSTIENSLHETPEKNEEDLTOGKDSQNDKNS-----ESVVEQNKKEAEV 134
 QY 75 NNESEVIVKRAMDIEVNDMNFNTV-----SFWLRVYKVASASHEQYGTNEYST 124
 Db 135 KKHSEERPOOQVLEKHAENQTLHKAQSNEDVATKESQLNTTAAQEDDSQENLS 194
 QY 125 ---ISSMKKHSLSIGSGMSVSLKGNLILWLKDSAGEVROITFERDLPDKFNAYILAN--- 177
 Db 195 KQTOSSKTTDLRATQONOSKDSQSTEVEVKEVKNDOQVYAKNDKQVETFNLSKEE 254
 QY 178 ---KWFETITTDRLSS-----ANLYIGVLMGSAEITGIGAIREDN---NIT 219
 Db 255 PLKVDKQANTTTKDKSKNDKSHDGLANESNAVATTNKO--SKQOVSEKNEQDTNKS 312
 QY 220 LKIDRCNNNNQVYSIDKFIJFCALNPEKTEKLYSYLSTFLRDFWGNP---LRYDTE- 275
 Db 313 AKOKYKNNDPILVHGFNGFTDDINP-----SVLHYMGGDKMINIROLDEE 359
 QY 276 --YLLPVAASS-----KVOLKNITDYMVL-----TNAPSTTGKLNITYRRLY 318
 Db 360 NGYEAEASISAGSNTDRVLEL-----YYIRGGRVDYGAHAHAKYGHERR---YGKTY 410
 QY 319 NGKFTIKRYTPNNEIDSEFKLYSYNNNEHIVGPKDGNMFNNDRLIRLRYCN 378
 Db 411 EG---YKDKMKPGOKI-----HLVGHSMGQGITROLLEELRHG-- 445
 QY 379 APGILYKKEAEVLEKDKITYSVQLKLYDDKNASLGLVGT-HNGQIGND 426
 Db 446 NPEEVEYQKQHGELISPLFOGG-----HDNMVSSITTLGTIPHNQTHASD 489

RESULT 10
 US-10-092-411A-3653

; Sequence 3653, Application US/10092411A
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Lyn Doucette-Stamm et al
 ; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO STAPHYLOCOCC
 ; FILE REFERENCE: 032796-101
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/092,411A
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-03-07
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/134,001
 ; PRIOR FILING DATE: 1998-08-13
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/064,964
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-11-08
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/055,779
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5676
 ; SEQ ID NO 3653
 ; LENGTH: 455
 ; TYPE: PR
 ; ORGANISM: Staphylococcus epidermidis
 US-10-092-411A-3653

Query Match
 Best Local Similarity 4.1%; Score 100; DB 6; Length 455;
 Matches 66; Conservative 47; Mismatches 132; Indels 46; Gaps 14;

QY 183 TITNDRSSANLY---INGVLMGSAET-TGLGAIREDNNITKLDRCNNNNQVYSIDKFR 238
 Db 139 TRINDLAHSGYLAHSLASYLLITDEADIMIDGLIEDVDHIARLD---DENHLAV---- 191
 QY 239 IFCKALNPKETEKLTYSTLSTFLRDFWGNP-LRYDTEYLLPVAASSKQVQDLKNTIDTM 297
 Db 192 --FSATIPKSLQPLNKLTYLSPFEVEVDGKAHKNKEITFYLYPGSAKVDLTLELIDTL 249
 QY 298 --YL-----TNAPST--TNGKLNITYRRLYNGL-----KFIKRYTPNNEIDSEFKS 340
 Db 250 NPYICLIIFCNSRENADLADTLNKEGKITGMHGLTPREKKQCKRT--RLDQGFVIA 307
 QY 341 GDFIKLYSYNNNEHIVG---PKDGNMFNNDRLIRVG---YMAPGILYKKEAEVAKRLD 395
 Db 308 SDLASRKIDIEGSHVITFDVNDIDFTTH--RVGRGRGNVKGVAITLYSPDESNITL 365
 QY 396 LKTYSVQLKLYDDKNASLGLVGHNGQIGNDPNRDILASWYFNLKDKI 446
 Db 366 IEDRGYKFEFVNDIKNGELKPLKAYNMKRSRQRKDDHLL-----NEVYHKV 410

RESULT 11

US-10-125-923A-326
 ; Sequence 326, Application US/10125923A
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Baker, Kevin P.
 ; APPLICANT: Chen, Jian
 ; APPLICANT: Desnoyers, Luc
 ; APPLICANT: Goddard, Audrey
 ; APPLICANT: Godowski, Paul J.
 ; APPLICANT: Gurney, Austin L.
 ; APPLICANT: Pan, James
 ; APPLICANT: Smith, Victoria
 ; APPLICANT: Watanabe, Colin K.
 ; APPLICANT: Wood, William I.
 ; APPLICANT: Zhang, Zemin
 ; TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
 ; FILE REFERENCE: P3430R1C79
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/125,923A
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-01-15
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/052586
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-01-15
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059263
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-09-18
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059266
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-09-18
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/062250

QY	358	GYPKGNNAFNNDRILLRVCYNAPGIFLYKKMAEVKRLDKTYSVOLKLY-----	DDK	409
Db	402	SSSSORFVYQWKAQOLPTNPTDIPNMEVAY----- <td>KHFSVKGDVYICLTFTIGDSK</td> <td>456</td>	KHFSVKGDVYICLTFTIGDSK	456
QY	410	NASLGLVGTNGOIGDNPNRDILIASNWYFNHLKDKILGOWFE		453
Db	457	VWKWG--GSSFODIQMPRSRGSKVOPLOINNOYAILSDYSF		498
RESULT 14				
	US-10-264-213-136	; Sequence 136, Application US/10264213		
	GENERAL INFORMATION:			
	APPLICANT: Glenn, Matthew			
	APPLICANT: Havukala, Ilkka J			
	APPLICANT: Lubbers, Mark William			
	APPLICANT: Dekker, James			
	TITLE OF INVENTION: polynucleotides, materials incorporating			
	TITLE OF INVENTION: them, and methods for using them.			
	FILE REFERENCE: 11000.1045c3			
	CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/264,213			
	CURRENT FILING DATE: 2002-10-03			
	NUMBER OF SEQ ID NOS: 253			
	SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0			
	SEQ ID NO 136			
	LENGTH: 675			
	TYPE: PRY			
	ORGANISM: Lactobacillus rhamnosus			
	US-10-264-213-136			
Query Match	4.1%	Score 100;	DB 6;	Length 675;
Best Local Similarity	18.5%;	Pred. No. 0.27;		
Matches	94;	Conservative	67;	Mismatches 145; Indels 202; Gaps 26;
QY	20	DNEEDIDVILKSTILNTL-----DINNDITS-----DISGNSSVITY--PDA	60	
Db	65	NNEEAGTLYGKGCTVELSAISPOYQNAVISTEDRTFYSGGFSIKGILRSALNYIHHG	124	
QY	61	OLVPGINGKAHLVNN--ESSEVLVHKA--MDIEYDMENFNTVSMRLVPKVSASH	113	
Db	125	QIMGGSITTOOLAKNTLTLOKOTMLRKAQELFMAIOLNKKVYSKODI-----	171	
QY	114	LEQVYTNESYIISKKHSLSTGSGMSVSLKNNNLWTLKDS-----	155	
Db	172	LAMTYNNAY-----FNGG-----VWGVDAAKRYFGKNASOLDASEGA	209	
QY	156	--AGEVROITRDLPLD--KENAVLANKWVF--ITINDRLSSANLYINGVLMGSAETGLGA	211	
Db	210	ILAGLRLNPSYYPNPDHDKDMISRNVVLOLMDVNDHKLQAO--ANAAKAQSGVY-----	262	
QY	212	IREDDNITLKDRCCNNN-----QVYSIDK-----FRIFCKALNPKEI	249	
Db	263	-----VDAFSNANAOKYPSYFDSVIEEARSEGISVDLILNKGYKIY-----TNL	306	
QY	250	EKLTSYSTLEFLRPFQWNPRLRYDREYLLIPASSKDYOLKNI-----	293	
Db	307	DOTYQONLQTSFEOD--WAFRAN-----AADGKQVQASITLDPKGTGAVRNVGNR	355	
QY	294	-----TDYMYLT-----NAPSYNGKLNIIYRRLYNLQKE--IIR-----RYTPNNEI	334	
Db	356	GEHPTFLGNVATQLRNSGSGSTIKRLPMVYTPALENGYHDSITLKDEKLSYGRKNNTYPTNAT	415	
QY	335	DSEYKSGDFIKLYVSYNNNEHIVGYPKQGNAPFNDRILLRVCYNAPGILYKKMEAVK-L	393	
Db	416	GTYLGT--VPMY-----QALDSINAPAVWLNLKLTGVQGV	449	
QY	394	RDLKTSVOLKLYDDKNASLGLVGNHG	421	
Db	450	ASLDRTGIQIK--SSDONLAADGLKNG	476	
RESULT 15				

```
: Sequence 80489, Application US/09724676
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Comugen LTD
: TITLE OF INVENTION: Variants of alternative splicing
: FILE REFERENCE: 129181.4 Comugen
: CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/724,676
: CURRENT FILING DATE: 2000-11-28
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 97222
: SOFTWARE: PatentIn version 3.2
: SEQ ID NO 80489
: LENGTH: 813
: TYPE: PRT
: ORGANISM: Homo sapiens
: US-09-724-676-80489

Query Match          4.1%; Score 99.5; DB 5; Length 813;
Best Local Similarity 19.9%; Pred.No. 0.41;
Matches 96; Conservative 84; Mismatches 175; Indels 127; Gaps 28;

QY 3 FSTPIPE-----SYSKNDQWNEEDIDVILKSTILNDINDIISDI 47
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 235 FAYPMPCDRWCKPLPSPOKITEFK-----WVPEDLTNPMIYSSSISIKOTIVSDC 290
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 48 S-----GENSSVIT---YP---DAQLVPGIN--GK--AIHLVNNSESEVIV 83
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 291 SFVASLAISAAYERRRNKKLITGIIPQNKDGE--PEYNPCGKVMWKLHL--NGVPRKVI 347
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 84 HKAMDIEND---MENNFTVSFWLKVPKVYASHLEOYGTNEY--SISSMKKHSLSIGSG 138
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 348 DQQLPYDHKGELCSYSNNKSELM--VSLIEKAYMKVMGYDEPGSNSNIDLHAL--TG 402
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 139 W---SVSLKGNLIMFLKDSAGEVRQITPRDLDPKFNAYLANKWVFITINDRLSSANLY 195
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 403 WIPERIAMHSDSOTFS--KDN-----SFRMLYORFH---KGDVLITASTGMTEAGE 450
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 196 INGVLMGSA-----EITGLAIRDN--NITLKLRCNN--NOYVSIDKFRIFCKA 243
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 451 KNGLVPTHAVALDIREFKGLRFIQLKNPMSHLRMKGRYSENDVKNTPELOKYLNF--- 507
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 244 LNPKELEKLYTSLTFLRDFWGNPLRYDTEYLL-----IPVASSSKDVQLKNIT 294
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 508 -DPRTAOKIDNGIEMTIS---WDDLQYYDYIYLSWNPGLFKESTCIHSTWDKOGPVK 561
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 295 DMYLTNAPSYTNGKLNIIYRRLYNGLKFLIKRYTPNNEIDSEFKSGDFTKLYSYNNNE 354
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 562 DAYSLANNFOY---KLEVOCPQGGAAVWVLSRHITDK--DDEANNREFITMIV--YKTDG 615
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 355 HIYGYPK-----DGNAPNNLDRILRVGNAPGIPLYKKMEAVKLRLDKTYSVOLKLYDD 408
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 616 KKYYYPADPPPYIDGIRINSPHYLTRIKILTTPG-----THFTLVVSQYER 661
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 409 KN 410
   | |
DB 662 QN 663
```

Search completed: December 1, 2002, 11:31:26
Job time : 35 secs

GenCore version 5.1.3
Copyright (c) 1993 - 2002 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 1, 2002, 08:59:02 ; Search time 3171 Seconds
(without alignments)
11037.005 Million cell updates/sec

Title: US-09-816-467-3
Perfect score: 1392
Sequence: 1 atggttttttcaaccacat.....aggatgacaaatgattaa 1392

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gap 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 24791104 seqs, 12571243825 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 49582208

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database :

```

Pending Patents, NA, Main: *
1: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCrUS.COMB.seq: *
2: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US06.COMB.seq: *
3: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US07.COMB.seq: *
4: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US08.COMB.seq: *
5: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US081.COMB.seq: *
6: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US082.COMB.seq: *
7: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US083.COMB.seq: *
8: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US084.COMB.seq: *
9: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US085.COMB.seq: *
10: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US086.COMB.seq: *
11: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US087.COMB.seq: *
12: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US088.COMB.seq: *
13: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US089.COMB.seq: *
14: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US090.COMB.seq: *
15: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US091.COMB.seq: *
16: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US092.COMB.seq: *
17: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US093.COMB.seq: *
18: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US094.COMB.seq: *
19: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US095.COMB.seq: *
20: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US096.COMB.seq: *
21: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US097.COMB.seq: *
22: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US098.COMB.seq: *
23: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US099.COMB.seq: *
24: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US100.COMB.seq: *
25: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US101.COMB.seq: *
26: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US102.COMB.seq: *
27: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US103.COMB.seq: *
28: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US104.COMB.seq: *
29: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US105.COMB.seq: *
30: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US106.COMB.seq: *
31: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US107.COMB.seq: *
32: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US108.COMB.seq: *
33: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US109.COMB.seq: *
34: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US110.COMB.seq: *
35: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US111.COMB.seq: *
36: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US112.COMB.seq: *
37: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US113.COMB.seq: *
38: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US114.COMB.seq: *
39: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US115.COMB.seq: *
40: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US116.COMB.seq: *
41: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US117.COMB.seq: *
42: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US118.COMB.seq: *
43: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US119.COMB.seq: *

```

Result No.	Score	Query Match	DB Length	ID	Description
1	1392	100.0	1392	31	US-09-816-467-3
2	1392	100.0	1600	19	US-09-501-787-15
3	1392	100.0	1600	31	US-09-816-467-1
4	1387.4	99.7	3948	42	US-10-241-596-140
5	1351.4	97.1	1370	40	US-10-109-812-31
6	799.4	57.4	1368	40	US-10-109-812-32
7	799.2	57.4	3712	10	US-08-676-354A-4
8	799.2	57.4	3712	10	US-08-676-354A-5
9	797.2	57.3	4366	9	US-08-586-740A-12
10	796.8	57.2	3754	7	US-08-379-611-17
11	796.8	57.2	3754	9	US-08-586-740A-6
12	796.8	57.2	3769	7	US-08-379-611-18
13	796.8	57.2	3769	10	US-08-676-354A-5
14	796.8	57.2	3769	10	US-08-676-354A-5
15	796.8	57.2	4378	9	US-08-586-740A-9
16	521	37.4	1766	10	US-08-676-354A-6
17	521	37.4	1766	10	US-08-676-354A-6
18	248.2	17.8	1535	11	PCr-US97-15394-78
19	248.2	17.8	1535	11	US-08-704-159-78
20	248.2	17.8	1535	43	US-10-271-012-78
21	248.2	17.8	3894	1	PCT-US97-15394-76

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES


```

; TITLE OF INVENTION: HYBRID PROTEINS THAT MIGRATE RETROGRADELY AND
; FILE REFERENCE: 03495.0174-01000
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/816,467
; PRIOR FILING DATE: 2001-03-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/055,615
; PRIOR FILING DATE: 1997-08-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065,236
; PRIOR FILING DATE: 1997-11-13
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 1600
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Clostridium tetani
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (88)..(1476)
; US-09-816-467-1

Query Match      100.0%; Score 1392; DB 31; Length 1600;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2.4e-231;
Matches 1392; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 ATGATTTTTCACACCAATTCATTTCTATCTTAATAAATCGATGTTGGGTGAT 60
DB 88 ATGTTTTCACACCAATTCATTTCTATCTTAATAAATCGATGTTGGGTGAT 147
QY 61 AATGAGAGATATAGATGTTATTTAAAAAGAGTACAAATTTTAAATTTAGATTTAT 120
DB 148 AATGAGAGATATAGATGTTATTTAAAAAGAGTACAAATTTTAAATTTAGATTTAT 207
QY 121 AATGATTTTATATCAGATATATCTGGTTTATCATCTGTAATAAATCCAGATCCGAT 180
DB 208 AATGATTTTATATCAGATATATCTGGTTTATCATCTGTAATAAATCCAGATCCGAT 267
QY 181 CAATTTGTCGCCGGAATAAATGCAAGCAATACATTTAGTAACAATGAACTCTTGAA 240
DB 268 CAATTTGTCGCCGGAATAAATGCAAGCAATACATTTAGTAACAATGAACTCTTGAA 327
QY 241 GTTATAGTGAATAAGCTATGATGATTTGAATATATGATATGTTTAAATTTTACCGTT 300
DB 328 GTTATAGTGAATAAGCTATGATGATTTGAATATATGATATGTTTAAATTTTACCGTT 387
QY 301 AGCTTTGGTTGAGGTTTCCCTAAAGTATCTGCTAGTCATTTAGAAACATPATGCGCAAT 360
DB 388 AGCTTTGGTTGAGGTTTCCCTAAAGTATCTGCTAGTCATTTAGAAACATPATGCGCAAT 447
QY 361 GAGTATTTCAATTAATTAAGCTCTATGAAAAACATAGTCTATCAATAGATCTGGTTGAGT 420
DB 448 GAGTATTTCAATTAATTAAGCTCTATGAAAAACATAGTCTATCAATAGATCTGGTTGAGT 507
QY 421 GTATCACTTAAGGTATTAATTAATGACTTTAAAAAGATTCGCGGGGGAATTTGA 480
DB 508 GTATCACTTAAGGTATTAATTAATGACTTTAAAAAGATTCGCGGGGGAATTTGA 567
QY 481 CAATTAATCTTTAGGATTTACTGATTAATTAATGCTTTTAAAGCAATTAATGGGTT 540
DB 568 CAATTAATCTTTAGGATTTACTGATTAATTAATGCTTTTAAAGCAATTAATGGGTT 627
QY 541 TTTTATTAATTAATTAATGATATATCTCTGCTAAATTTTGTATATTAATGAGTACTT 600
DB 628 TTTTATTAATTAATTAATGATATATCTCTGCTAAATTTTGTATATTAATGAGTACTT 687
QY 601 ATGGAGTGTGAGAAATTAAGTGTGTTAGAGCTATTAAGAGGATTAATTAATTAATTA 660
DB 688 ATGGAGTGTGAGAAATTAAGTGTGTTAGAGCTATTAAGAGGATTAATTAATTAATTA 747
QY 661 AAATAGATAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 720
DB 748 AAATAGATAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 807
QY 721 TGCAAGCATTAATAATCCAAAAGACATTGAAAAATTTATACACAGTTATTTATCTTAACC 780
```

```

DB 808 TGCAAGCATTAATAATCCAAAAGACATTGAAAAATTTATACACAGTTATTTATCTTAACC 867
QY 761 TTTTAAAGACATCTTGGGGAACCCCTTACGATATGATATACAAATATTTTAAATACCA 840
DB 868 TTTTAAAGACATCTTGGGGAACCCCTTACGATATGATATACAAATATTTTAAATACCA 927
QY 841 GTAGCTTCAGTTCTAAAGATGTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 900
DB 928 GTAGCTTCAGTTCTAAAGATGTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 987
QY 901 AATGGCCATCTGTAACTAATGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 960
DB 988 AATGGCCATCTGTAACTAATGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1047
QY 961 CTAATAATTTATTAATAAAGATATTAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1020
DB 1048 CTAATAATTTATTAATAAAGATATTAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1107
QY 1021 GGTGATTTTATTAATAATTAATGATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1080
DB 1108 GGTGATTTTATTAATAATTAATGATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1167
QY 1081 AAAGATGGAATGCTTTAATAATCTTGATAGAAATCTTAAGAGTATTAATGCCCA 1140
DB 1168 AAAGATGGAATGCTTTAATAATCTTGATAGAAATCTTAAGAGTATTAATGCCCA 1227
QY 1141 GGTATCCCTTTATTAATAAATGAAAGCAAGTAAATTTGGGTGTTTAAAAACCTATTCT 1200
DB 1228 GGTATCCCTTTATTAATAAATGAAAGCAAGTAAATTTGGGTGTTTAAAAACCTATTCT 1287
QY 1201 GTACAATTAATAATTAATGATGATTAATAAATGATCTTTAGAGTATGATGATGATGAT 1260
DB 1288 GTACAATTAATAATTAATGATGATTAATAAATGATCTTTAGAGTATGATGATGATGAT 1347
QY 1261 GGTCAATTAAGGACAGATCCAAATPAGGATATTAATTTGCAAGCACTGTTACTTTAAT 1320
DB 1348 GGTCAATTAAGGACAGATCCAAATPAGGATATTAATTTGCAAGCACTGTTACTTTAAT 1407
QY 1321 CATTTAAAGATTAATTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1380
DB 1408 CATTTAAAGATTAATTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1467
QY 1381 ACAATGATTA 1392
DB 1468 ACAATGATTA 1479

RESULT 4
US-10-241-596-140
; Sequence 140, Application US/10241596
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Microbiological Research Authority
; APPLICANT: The Speywood Laboratory Limited
; TITLE OF INVENTION: Recombinant Toxin Fragments
; FILE REFERENCE: 1581.0130003
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/241,596
; PRIOR FILING DATE: 2002-09-12
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/255,829
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/242,689
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB97/02273
; PRIOR FILING DATE: 1997-08-22
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/782,893
; PRIOR FILING DATE: 1996-12-27
; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9625996.5
; PRIOR FILING DATE: 1996-12-13
; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9617671.4
; PRIOR FILING DATE: 1996-08-23
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 175
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 140
```

```

; LENGTH: 3948
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Clostridium tetani
US-10-241-596-140

```

Query Match	99.7%	Score 1387.4	DB 42	Length 3948
Best local Similarity	99.9%	Pred. No. 1.7e-230		
Matches 1388; Conservative	0	Mismatches 1	Indels 0	Gaps 0

QY	4	GTGTTTTCAACACCAATTCATTTCTTTCTCTCAAAAAAATCTGGATTTGGGCTGATAT	63
Dp	2560	GTGTTTTCAACACCAATTCATTTCTTTCTCTCAAAAAAATCTGGATTTGGGCTGATAT	26159
QY	64	GAGAAGATATAGATGTATATATTTAAAAAGAGTACATTTTAAATTTAGATATTAATAT	123
Dp	2620	GAGAAGATATAGATGTATATATTTAAAAAGAGTACATTTTAAATTTAGATATTAATAT	26791
QY	124	GATATATATATCATATATATCTGGGTTAATATCTGATATACATATCCAGATCTCA	183
Dp	2680	GATATATATATCATATATATCTGGGTTAATATCTGATATATACATATCCAGATCTCA	27391
QY	184	TTTGTCGCCGGATAATTAATGCGCAAGACATATCATTTAGTAACAAATGAATCTTCTGAGCT	243
Dp	2740	TTTGTCGCCGGATAATTAATGCGCAAGACATATCATTTAGTAACAAATGAATCTTCTGAGCT	27998
QY	244	ATATGTCATTAACCTATGAGATTTTGATATATTAATGATATGTTTAAATTTTAAACCGTTAGC	303
Dp	2800	ATATGTCATTAACCTATGAGATTTTGATATATTAATGATATGTTTAAATTTTAAACCGTTAGC	285
QY	304	TTTGTGTTAGAGGTTCCCTAAGATATCTGTAATCTGTAATTTAGAACATATGCGCAAAATAG	363
Dp	2860	TTTGTGTTAGAGGTTCCCTAAGATATCTGTAATCTGTAATTTAGAACAAATATGCGCAAAATAG	2919
QY	364	TATTCATTAATTAAGCTCTATGTAAGAAAAACAATAGTCTATATCAATATGAGATCGTTGAGGTGA	423
Dp	2920	TATTCATTAATTAAGCTCTATGTAAGAAAAACAATAGTCTATATCAATATGAGATCGTTGAGGTGA	2979
QY	424	TCACCTTAAAGGTAATTAATTAATGACTTTTAAAAAGATTCGCGCGGAGAAAGTTAGACAA	483
Dp	2980	TCACCTTAAAGGTAATTAATTAATGACTTTTAAAAAGATTCGCGCGGAGAAAGTTAGACAA	30399
QY	484	ATAACTTTAGGAGATTTCCTCATTAATTTAATGCTTATTTAGCAATAATATGGGTTTTT	543
Dp	3040	ATAACTTTAGGAGATTTCCTCATTAATTTAATGCTTATTTAGCAATAATATGGGTTTTT	30999
QY	544	ATAACTATTAATCAATGATAGATTAATCTCTGCTAATTTGTAATTAATAGAGATCTTATG	603
Dp	3100	ATAACTATTAATCAATGATAGATTAATCTCTGCTAATTTGTAATTAATAGAGATCTTATG	31599
QY	604	GGAAGTCGCAAAATTAATCTGTTTACGAGCTATTTAGAGAGATTAATATTAATCAATTAAAA	663
Dp	3160	GGAAGTCGCAAAATTAATCTGTTTACGAGCTATTTAGAGAGATTAATATTAATCAATTAAAA	3219
QY	664	CATAGATAGATATTAATTAATTAATCAATACGTTTCTATTTGATTAATTTAGATATTTTGC	723
Dp	3220	CATAGATAGATATTAATTAATTAATCAATACGTTTCTATTTGATTAATTTAGATATTTTGC	3279
QY	724	AAAGCATTTAAATCCAAAAGAGATGAATAAATTAATCACAGATTAATTTTCATATACCTTT	783
Dp	3280	AAAGCATTTAAATCCAAAAGAGATGAATAAATTAATCACAGATTAATTTTCATATACCTTT	33399
QY	784	TTTAAGACACTTCTGGGGAACCCCTTTACGATATGATACAGATATTTATTTAATACCACTA	843
Dp	3340	TTTAAGACACTTCTGGGGAACCCCTTTACGATATGATACAGATATTTATTTAATACCACTA	33999
QY	844	GGTTCATGTTTCAAGATGTTCAATTTGAAAAAATATTAACAGATTTATATGATTTTACAAT	903
Dp	3400	GGTTCATGTTTCAAGATGTTCAATTTGAAAAAATATTAACAGATTTATATGATTTTACAAT	34599
QY	904	GGCGCATGATATACAGAGGAAAAATTTGAATATATTTTAAAGGTTATATTAATGAGCTA	963
Dp	3460	GGCGCATGATATACAGAGGAAAAATTTGAATATATTTTAAAGGTTATATTAATGAGCTA	35199

QY	964	AAATTATATATATAAAGATATACACCTTAATGAATAGATTCTTTGTTAAATCAGGT	1023
Dp	3520	AAATTATATATATAAAGATATACACCTTAATGAATAGATTCTTTGTTAAATCAGGT	3579
QY	1024	GATTTATTAATTAATATGTAATCATATACCAATATAGACACATTGAGGTTATCCGAA	1083
Dp	3580	GATTTATTAATTAATTAATGTAATCATATACCAATATAGACACATTGAGGTTATCCGAA	3639
QY	1084	GATGGAATGCGCTTAATATCTTGATGTAATCTTAAGTAGTATATAGCCCAAGGT	1143
Dp	3640	GATGGAATGCGCTTAATATATCTTGATGTAATCTTAAGTAGTATATAGCCCAAGGT	3699
QY	1144	ATCCCTCTTTATATAAAAAATGAGACGATAAATTCGCTATTAAAAACCTATTCTGTA	1203
Dp	3700	ATCCCTCTTTATATAAAAAATGAGACGATAAATTCGCTATTAAAAACCTATTCTGTA	3759
QY	1204	CAACTTAATTTATATGATGATATAAAAAATGATCTTTAGGACTAGTAGTACCATATATGTT	1263
Dp	3760	CAACTTAATTTATATGATGATATAAAAAATGATCTTTAGGACTAGTAGTACCATATATATGTT	3819
QY	1264	CAAAATGACCAACGATCCCAATATAGGGATATATTAAATGCAAGCAACATGGTACTTAATCAT	1323
Dp	3820	CAAAATGACCAACGATCCCAATATAGGGATATATTAAATGCAAGCAACATGGTACTTAATCAT	3879
QY	1324	TTAAAAGATAAAAATTTAGCATGTGATTGGTACTTTGTACCTTACAGATGAGGATGGACA	1383
Dp	3880	TTAAAAGATAAAAATTTAGCATGTGATTGGTACTTTGTACCTTACAGATGAGGATGGACA	3939
QY	1384	AATGATTA 1392	
Dp	3940	AATGATTA 3948	

```

RESULT 5
US-10-109-812-31
? Sequence 31, Application US/10109812
? GENERAL INFORMATION:
? APPLICANT: Maliga, Pal
? APPLICANT: Cornelle, Sylvie
? APPLICANT: Lutz, Kerry
? TITLE OF INVENTION: High Level Expression of Immunogenic Proteins in the
? FILE OF INVENTION: Plastids of Higher Plants
? FILE REFERENCE: Rutgers-00-0038 CIP
? CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/109, 812
? CURRENT FILING DATE: 2002-03-29
? PRIOR APPLICATION NUMBER: PCI/US00/25930
? PRIOR FILING DATE: 2000-09-21
? PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/211,139
? PRIOR FILING DATE: 2000-06-13
? PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/155,007
? PRIOR FILING DATE: 1999-09-21
? NUMBER OF SEQ ID NOS: 57
? SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 3.0
? SEQ ID NO 31
? LENGTH: 1370
? TYPE: DNA
? ORGANISM: Escherichia coli
US-10-109-812-31

```

Query Match	97.1% Best Local Similarity	Score 1351.4; Pred. No. 2.6e-224;	DB 40;	Length 1370;
Matches 135;	Conservative	0;	Mismatches 6;	Indels 0;
			Gaps	0;
QY 32	ATTCTAAAAATCTGGATTTGGTGTTGATTAATGAGAGATATACATGTTATATTAAAA	91		
Db 2	ATATGAAAAAATCTGGATTTGGTGCGCAATGAGAAGATATACATGTTATATTAAAAA	61		
QY 92	AGACTACATTTTAAATTAGATATTATATGATTTATATACACATATATGCGGTTTA	151		
Db 62	AGACTACAAATTTTAAATTAGATATTATATGATTTATATCACATATATCTGGGTTTA	121		
QY 152	ATTTCATCTGTAATTAACATATCCAGATGCTCAATTTGGTCCCGGAATTAATGCAAGCA	211		

Db 122 ATTCATCTGTAAATACATATCCAGATGCTCAATTTGGTGCAGGAAATAAATGCGAAAGCAA 181
OY 212 TACATTTTGTAAACAAATGATGCTTCGAGCTTATPAGTGAATPAAAGCAATGATATTAAT 271
Db 132 TACATTTTGTAAACAAATGATGCTTCGAGCTTATPAGTGAATPAAAGCAATGATATTAAT 241
OY 272 ATAAATGATATGTTTAAATATTTTACCGTATGCTTTGGTTGAGGGTTCCCAAAATGATGCTG 331
Db 242 ATAAATGATATGTTTAAATATTTTACCGTATGCTTTGGTTGAGGGTTCCCAAAATGATGCTG 301
OY 332 CTAGATCTATTAGAACAAATATGCGACAAATGAGTATTCATTAATTAATGCTCTATGCAAAAAC 391
Db 302 CTAGATCTATTAGAACAAATATGCGACAAATGAGTATTCATTAATTAATGCTCTATGCAAAAAC 361
OY 392 ATAGCTCTATCATATGAGATGCTGGTGGAGTGTATCACTTAAAGTAAATCACTTAATATGGA 451
Db 362 ATAGCTCTATCATATGAGATGCTGGTGGAGTGTATCACTTAAAGTAAATCACTTAATATGGA 421
OY 452 CTTTAAAGATTTCCGGGGGAGAGATTTAGACAAATTAACCTTTTACGGATTTTACCTGATTAAT 511
Db 422 CTTTAAAGATTTCCGGGGGAGAGATTTAGACAAATTAACCTTTTACGGATTTTACCTGATTAAT 481
OY 512 TTAATGCTTATTTAGCAAAATTAATGCGTCTTTTATTAATCTATTAATGATATGATATCTT 571
Db 482 TTAATGCTTATTTAGCAAAATTAATGCGTCTTTTATTAATCTATTAATGATATGATATCTT 541
OY 572 CTGCTAATTTGTATATTAATGAGTATGAGTATGAGAGTGCAGAAATTAATGCTGTTTACGAG 631
Db 542 CTGCTAATTTGTATATTAATGAGTATGAGTATGAGAGTGCAGAAATTAATGCTGTTTACGAG 601
OY 632 CTATTAAGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 691
Db 602 CTATTAAGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 661
OY 692 AGCTTTCTTTGATATTAATTTAGATATTTTGGCAAGCATTAAATCCAAAGAGATTTGAAA 751
Db 662 AGCTTTCTTTGATATTAATTTAGATATTTTGGCAAGCATTAAATCCAAAGAGATTTGAAA 721
OY 752 AATTTATACAGAGTATTTATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 811
Db 722 AATTTATACAGAGTATTTATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 781
OY 812 GATATGATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 871
Db 782 GATATGATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 841
OY 872 AAAATATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 931
Db 842 AAAATATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 901
OY 932 ATATATATTTATAGAGTATATATATGACTAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 991
Db 902 ATATATATTTATAGAGTATATATATGACTAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 961
OY 992 ATATATATTTATAGAGTATATATATGACTAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1051
Db 962 ATATATATTTATAGAGTATATATATGACTAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1021
OY 1052 ACAATATATAGCATTGATGAGTATCCGAAAGATGAAATGCTTTAAATTAATTAATTAATTAAT 1111
Db 1022 ACAATATATAGCATTGATGAGTATCCGAAAGATGAAATGCTTTAAATTAATTAATTAATTAAT 1081
OY 1112 GAATTCCTAAGAGTATGATTAATGCCCCAGGTATCCCTCTTTTAAATTAATTAATTAATTAAT 1171
Db 1082 GAATTCCTAAGAGTATGATTAATGCCCCAGGTATCCCTCTTTTAAATTAATTAATTAATTAAT 1141
OY 1172 TAAATATGCTGATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1231
Db 1142 TAAATATGCTGATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1201
OY 1232 CATCTTTAGAGTATGAGTATGAGTATGAGTATGAGTATGAGTATGAGTATGAGTATGAGTAT 1291
Db 1202 CATCTTTAGAGTATGAGTATGAGTATGAGTATGAGTATGAGTATGAGTATGAGTATGAGTAT 1261

OY 1292 TATTAATTCAGCAACTGCTACTTAAATCAATTTAAAGATTAATTTAGATGATGAT 1351
Db 1262 TATTAATTCAGCAACTGCTACTTAAATCAATTTAAAGATTAATTTAGATGATGAT 1321
OY 1352 GGATCTTTGTACTTACATGATGAGGATGAGCAATGATTA 1392
Db 1322 GGATCTTTGTACTTACATGATGAGGATGAGCAATGATTA 1362

RESULT 6
US-10-109-812-32
; Sequence 32, Application us/10109812
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Malliga, Pal
; APPLICANT: Cornelle, Sylvie
; TITLE OF INVENTION: High Level Expression of Immunogenic Proteins in the
; FILE REFERENCE: Rutgers-00-0038 CIP
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/109, 812
; PRIOR FILING DATE: 2002-03-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US00/25930
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-21
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/211,139
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-13
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/155,007
; PRIOR FILING DATE: 1999-09-21
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 57
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 3.0
; SEQ ID NO 32
; LENGTH: 1368
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: Synthetic
US-10-109-812-32

Query Match 57.4%; Score 799.4; DB 40; Length 1368;
Best Local Similarity 74.2%; Pred. No. 1e-128;
Matches 1010; Conservative 0; Mismatches 351; Indels 0; Gaps 0;

OY 32 ATTCATAAATCTGGATGTTGGTGTGATATGAAGAGATATAGATGTTATATTAATTA 91
Db 2 ATATGAAGAAACCTTGATGTTGGTGCAGCAAGAAACATCGATGTTATCTGTAATAA 61
OY 92 AGAGTACATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 151
Db 62 AGTCTACATCTGACACTTGGACATCAACAGATATTTATCTCCGACATCTCGGTTTCA 121
OY 152 ATTCATCTGTATATACATATCCAGATGCTCAATTTGGTCCCGAAATTAATGCAAGCAA 211
Db 122 ACTCCTCTGTATATCAATATCCAGATGCTCAATTTGGTCCCGAAATTAATGCAAGCAA 181
OY 212 TACATTTAGTAAACATATGATCTTGAAGTATATAGTATTAAGCTATAGATTAATGAAT 271
Db 182 TCCACCGTGTAAACCAACCAATCTTGAAGTATATGAGCAAGGCCATGAGATGGAAT 241
OY 272 ATTAATGATATGTTTAAATTAATTTTACGTTAGCTTTTGGTTGAGGGTCCCTAAAGATCTG 331
Db 242 ACAAGCATATGTTCAACAACATCTCACCGTTAGCTTCGCGCTGGCGCTCCGAAAGTTCTG 301
OY 332 CTAGTCAATTTAGAACAAATATGCGCAAAATGAGTATTCATTAATTAATTAATTAATTAAT 391
Db 302 CTAGTCAATTTAGAACAAATATGCGCAAAATGAGTATTCATTAATTAATTAATTAATTAAT 361
OY 392 ATAGCTCTATCATATGAGATGCTGGTGGAGTGTATCACTTAAAGTAAATCACTTAATATGGA 451
Db 362 ATAGCTCTATCATATGAGATGCTGGTGGAGTGTATCACTTAAAGTAAATCACTTAATATGGA 421
OY 452 CTTTAAAGATTTCCGGGGGAGAGTATTTAGACAAATTAACCTTTTACGGATTTTACCTGATTAAT 511
Db 422 CTTCGAAAGACTCCGGGGGAGAGTATTTAGACAAATTAACCTTTTACGGATTTTACCTGATTAAT 481

[illegible][illegible]

```
Db 388 CACCTGGAAACAGTACGGCCTAACGAGTACTCCATCATCACTCTATGAGAAACACTCC 447
QY 397 CTATCAATAGATCTGGTGGAGTGTATCACTTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTA 456
Db 448 CTTCATCTGGCTCTGGTGGTGTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 507
QY 457 AAAGATCCCGGGGAGAGTGTAGACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 516
Db 508 AAAGACTCCCGGGGAGAGTGTAGACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 567
QY 517 GCTTATTTAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 576
Db 568 GCTTATTTAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 627
QY 577 AATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 636
Db 628 AACCTGATCTCAACAGCGCTTCTGATGGCTCCGCTCAAAATCACTGCTGCGGCTATC 687
QY 637 AGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 696
Db 688 CGTGGAGACAACAATCACTCACTTAAGCTGAGCGCTTGCAACACAACAGCAGTACGTA 747
QY 697 TCTATTTAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 756
Db 748 TCCATGACAGAGTTCGCTATCTCTGCAAAAGCACTGAACCGGAAAGATGGAATACTG 807
QY 757 TACACAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 816
Db 808 TATACCAAGTACTCTCTATCACTTCTGCTGAGCTTCTGCGGATTAACCGCTGCGTAC 867
QY 817 GATACGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 876
Db 868 GACACGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 927
QY 877 ATTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 936
Db 928 ATACGACGACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 987
QY 937 TATTAATGAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 996
Db 988 TACTACGAGCTCTCTCAACAGCGCTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1047
QY 997 GAAATGATCTTTTGTAAATCAAGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1056
Db 1048 GAATGATCTTTTGTAAATCAAGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1107
QY 1057 AATGAGACATTTGAGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1116
Db 1108 AATGAGACATTTGAGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1167
QY 1117 CTAGAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1176
Db 1168 CTGCGTGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1227
QY 1177 TTGCGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1236
Db 1228 CTGCGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1287
QY 1237 TTGAGACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1296
Db 1288 CTGAGTGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1347
QY 1297 ATTTGAGCAACTGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1356
Db 1348 ATTTGAGCAACTGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1407
QY 1357 TTGTTACTTACAGATGAGGATGAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1392
Db 1408 TTGTTACTTACAGATGAGGATGAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1443
```

RESULT 8
US-08-676-354-4

```
Sequence 4, Application US/08676354C
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Khan, Mohammed Anjam
APPLICANT: Chatville, Steven Neville
APPLICANT: Li, Jingli
TITLE OF INVENTION: EXPRESSION OF HETEROLOGOUS PROTEINS IN ATTENUATED BACTERIA
TITLE OF INVENTION: USING THE HTRA-PROMOTERS
FILE REFERENCE: M0975/7001
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/676,354C
CURRENT FILING DATE: 1996-11-20
EARLIER APPLICATION NUMBER: GB 9401795.1
EARLIER FILING DATE: 1994-01-31
EARLIER APPLICATION NUMBER: PCT/GB95/00196
EARLIER FILING DATE: 1995-01-31
NUMBER OF SEQ ID NOS: 8
SOFTWARE: Fastseq for Windows, Version 3.0
SEQ ID NO 4
LENGTH: 3712
TYPE: DNA
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
NAME/KEY: misc.feature
LOCATION: 1..3712
OTHER INFORMATION: Artificial sequence is plasmid pHTRAI
FEATURE:
NAME/KEY: promoter
LOCATION: 1..55
OTHER INFORMATION: htra promoter
FEATURE:
NAME/KEY: misc.feature
LOCATION: 513
OTHER INFORMATION: SacII restriction site
FEATURE:
NAME/KEY: misc.feature
LOCATION: 2235
OTHER INFORMATION: AlwNI restriction site
US-08-676-354-4

Query Match 57.4%; Score 799.2; DB 10; Length 3712;
Best Local Similarity 74.3%; Pred. No. 1.3e-128;
Matches 1008; Conservative 0; Mismatches 348; Indels 0; Gaps 0;

QY 37 AAAATCTGATGTTGGTGTATTAATGAAGAATATAGATTTATTAATTAATTAATTAATTA 96
Db 88 AAAAACCCTGATGTTGGTGTATTAATGAAGAATATAGATTTATTAATTAATTAATTAAT 147
QY 97 ACAAATTTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 156
Db 148 ACCATTTCTAATCTGACATCAACAAGATATTATCTCGACATCTGTGTTCAACTCC 207
QY 157 TCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 216
Db 208 TCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 267
QY 217 TTAGTAACATGAATCTTCTGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 276
Db 268 CTGTTAAACAAGAACTCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 327
QY 277 GATATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 336
Db 328 GATATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 387
QY 337 CATTTAGAACATTAATGACCAAAATGAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 396
Db 388 CACCTGGAACAGTACGCACTAAGAGTATCTCATCATCATCATCATCATCATCATCATCAT 447
QY 397 CTATCAATAGATCTGGTGGAGTGTATCACTTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 456
Db 448 CTGTCATCTGAGCTCTGGTGGTGTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 507
QY 457 AAAGATCCCGGGGAGAGTGTAGACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 516
Db 508 AAAGACTCCCGGGGAGAGTGTAGACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 567
```


QY	517	GCATTTTATGCAAAATAAGGGGTTTTTAAACATATACATATATGATATGATTTGCGT	57.6
Db	568	GGCTACCTGGCTACAAATATGGGTTTTCATCATCATATCATACATGATGCTGTCTTCTGCT	62.7
QY	577	AATTTGTATATATAATGAGACTTATATGGGAAGTCAGAAATAATCTGGTTTAGAGCAAT	63.6
Db	628	AACCTGTACATCAACGGCGTTCTGATGGGCTCCGGTAATCTAGTCTGGGCGCTATC	68.7
QY	637	AGAGAGGATATATATATTAACATTAAAACTAGATAGATGTAATATATATATCAATACGT	69.6
Db	688	CGGAGAGACAACAACATCACTCTTAAGCTGGACCGTTGCAACAACAACAACCGAGTACGTA	74.7
QY	697	TCATTTGATTAATTTTGGATATTTTCCAAAGCAATTAATATCAAAAGAGATTGAAATTA	75.6
Db	748	TCCATGACACAGTTCGCGTATCTTCTGCAAAAGCACTGACCCGAAAGAGATCGAAAACTG	80.7
QY	757	TACACAATTATTTATCTATMACCTTTTAAAGAGCTTCGGGAAAAACCTTTACGATAT	81.6
Db	808	TATACACGACTACTGCTATCATCACTCTTCCTGCGAGCTTCGGGGTAACCCGCGCTTAC	86.7
QY	877	ATTAACAGATATATATGATTTTGACAAAATGGCCATCGATCTAAAGGAAATTTGAATATA	93.8
Db	928	ATACAGTACATCACTGTAACCTGACCAACCGCCGCTCTCACTAAAGGTTAACTGACATC	98.7
QY	937	TATTTATAGAAGTTATATATAATGAGCTAAAAATTTATTTATTAAGAGATATACACTAATAT	99.6
Db	988	TACTACCGAGCTGTGTAACAACGGCCGTGAATTTATCATCTCAACGGCTACCTCGAACAC	104.8
QY	997	GAAATAGATCTTTTGTATAATCAGGTGATTTTATTAATATATATGATATACAT	105.8
Db	1048	GAAATGATTCCTTTCGTTAAATCTGGTGACCTTCATCAAACTGTAACGTTTTCACAAACAC	110.8
QY	1057	AATGAGACACTTTAGTTATGCTTATCCGAAAAGATGGAATGACCTTTATATATCTTGATAGATT	111.8
Db	1108	AAGAACACATCGTTGGTTACCGGAAAGAGGTAACGCTTTCAACACCTGGACACAGATT	116.8
QY	1117	CTAAGAGTAGCTTATATAATGCTCCCAAGGTATCCCTCTTTATATAAAAAATGAAAGCAGTAA	117.7
Db	1168	CTCCGCTGTGGTTACAAACGCTCCGGGATCTCCCTGTACAAAAAAATGGAAGCTGTTTAA	122.8
QY	1177	TTCGCGATTTAAAAACCTTCTGTCACACTTAATATATATGATGTAATAAATGCATCT	123.8
Db	1228	CTCGCGTACCTGAAACACTTACTCTGTTCACTGAAACTGTACGCGCAAAAACGCTTCT	128.8
QY	1237	TTAGGACTACTAGTATGCCCACTTAATTTGTCGAATAGCAACATCCAAATAGGATATATTA	129.8
Db	1288	CTGGGCTGTGGTTGGTACCCACAAAGGTCACATGTGGTAAGACCCGGAACCGTACATCTG	134.8
QY	1297	ATTGCAAGCACTGTGATCTTTAATCATTTTAAAAAGTAAAAATTTTAGAGTGTGATTGGTAC	135.8
Db	1348	ATGCGTCTTAACGTGTAACCTCAACACACTCACTCAAAATCCCTGGGTTGCGACTGGTAC	140.8
QY	1357	TTTGTACTACAGATGAGGAGTGAACAAATGATTA 1392	
Db	1408	TTGCTTCCGACCGATGAAGGTTGGACCAACGACTAA 1443	
RESULT 9			
US-08-586-740A-12			
; Sequence 12, Application US/08586740A			
; GENERAL INFORMATION:			
; APPLICANT: Khan, Mohammed Anjum			
; APPLICANT: Hormache, Carlos Estenio			
; APPLICANT: Chatfield, Steven Neville			
; APPLICANT: Dougan, Gordon			
; TITLE OF INVENTION: VACCINE COMPOSITIONS			
; FILE REFERENCE: M0975/7000			
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/586, 740A			

```

1 CURRENT FILING DATE: 1996-07-19
2 PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB93/01617
3 PRIOR FILING DATE: 1993-07-30
4 PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9401787.8
5 PRIOR FILING DATE: 1994-01-31
6 NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
7 SOFTWARE: PatentIn version 3.0
8 SEQ ID NO 12
9 LENGTH: 4366
10 TYPE: DNA
11 ORGANISM: Artificial Sequence
12 FEATURE:
13 NAME/KEY: misc.feature
14 LOCATION: (1)..(4366)
15 OTHER INFORMATION: plasmid pTRC3-P28
16 NAME/KEY: misc.feature
17 LOCATION: (99)..(100)
18 OTHER INFORMATION: Tet C gene start codon
19 NAME/KEY: misc.feature
20 LOCATION: (528)..(533)
21 OTHER INFORMATION: SacII restriction site
22 NAME/KEY: misc.feature
23 LOCATION: (1454)..(1455)
24 OTHER INFORMATION: XbaI restriction site
25 NAME/KEY: misc.feature
26 LOCATION: (1460)..(1462)
27 OTHER INFORMATION: S. mansoni P28 gene start codon
28 NAME/KEY: misc.feature
29 LOCATION: (2093)..(2095)
30 OTHER INFORMATION: stop codon
31 NAME/KEY: misc.feature
32 LOCATION: (2096)..(2101)
33 OTHER INFORMATION: BamHI restriction site
34
35 US-08-586-740A-12

```

Query Match	57.3%	Score	797.2	DB	9	Length	4366
Best Local Similarity	74.3%	Pred	No.	2.9e-128			
Matches 1006; Conservative	0	Mismatches	348	Indels	0	Gaps	0

QY	37	AAAATCTGGATTGGGTGATTAATGAAGAAGTATAGATGTTATATTAATAAAGAGT	96
Db	101	AAAAACCTGATGTGTGGGTGCACACGAGAAGACATCGATGTATCCTGAAAAAGTCT	16
QY	97	ACAATTTTAAATTTAGATATTAATATGATATTATATCAGATATATCTGGTTTAATTTCA	15
Db	161	ACCATTCTGAACTTGGAGCATCAACACAGATATTATCTCCGACATCTCTGGTTTCAACTCC	22
QY	157	TCTGTAATAACATATCCAGATTCCTCAATTGTGGCCCGGAATTAATGGCAAAACCAATACAT	21
Db	221	TCTGTATACATATCCAGATTCCTCAATTGTGGCCCGGATCAACGGCAAACTATCCAC	28
QY	217	TTAGTAACCAATGAAATCTTGAAGTTATAGTCACTAAAGCTATGATATTTGAATTAAT	27
Db	281	CTGGTTAACCAAGCAATCTTCTGAAGTTATCTGTCACAAAGCCATGTGACATTCGAATACAC	34
QY	277	GATATGTTTAATTAATTTTACCGTTAGCTTTGGTTGGAGGGTTCCTAAAGTATCTGTACT	33
Db	341	GACATGTTCAACAACTTCACCGTTAGCTTCTGGCTGGCGGCTCCGCAAAATTTCTGCTTCC	40
QY	337	CATTTAGACAATATGCGACAAATAGTATTTCAATTAATTAGCTCTATGAAAAAACCTACT	39
Db	401	CACCGGACACAGTAGCGCACTACACAGTACTCCATCATCAGCTCTATGAAGAAACCTCC	46
QY	397	CTATCAATAGAGTCTGGGTGATGCTATACACTTAAAGGATTAATTAATTAATGACTTAA	45
Db	461	CTGTCCATCGGCTCTGGTGTGCTGTCTTTCCCTGAAGGGTAAACAACCTGATCTGGACTCTG	52
QY	457	AAAGATCTCCGGGGGAAGATTAGACAATTAACCTTTATAGGAGTTTACCTGATTAATTTAAT	51
Db	521	AAAGATCTCCGGGGGAAGTTGTCAAGATCACTTTCCGGGACCTCGGGCAACAAGTTCAAC	58
QY	517	GCTTATTTAGCAATAAATGGCTTTTATACATATTACTAATGATAGATTATCTCTGCT	57

```

Db 581 GCGTACCTGGCTAACAAATGGGTTTCATCATCTATCACTAACGATCGTCTCTTCTGCT 640
QY 577 AATTTGTATATAATGAGTACTATTGGAAGTGCAGAAATTTACTGGTTAGAGCAATT 636
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 641 AACCTGTACATCAACGCGCTTGATGGGCGCCGCTGAATCACTGCTGCTGGCGCTATC 700
QY 637 AGAGAGATATATATATACATTAAACCTGANTAGATGTAATTAATTAATCAATACGTT 696
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 701 CGTGGAGAACAAACATCACTTTTAACTGAGCCGTTGCAACAAACAAACCACTACGTA 760
QY 697 TCTATTGATTAATTTGCAATATTTTGCAGAAATTAATCCAAAGATGTAAGAAATTA 756
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 761 TCCATGACAGACATTCCTGATCTTCTGCAAAAGCACTGAACCCGAAAGATGCAAAACTG 820
QY 757 TACACAAGTATTATCTATACCTTTTAAAGACTTCTGGGGAACCCCTTACGATAT 816
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 821 TATACCAGTACCTGCTATCACTTCCCTGCGTACCTTGGGGTAAACCCCTGCTTAC 880
QY 817 GATACAGATATTTATTTATACCAAGTACTTCTAGTCTTAAGATGTTCAATTTGAAAAAT 876
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 881 GACACGGAATATTTACCGATCCGCGTACGCTTAAGCTTAAGACGTTACAGCTGAAGAAC 940
QY 877 ATACAGATATATGATTTGACAAATGGCCACATCGTATCTAACGAAAAATGAAATATA 936
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 941 ATCAGTACTACATGTAACCTGACCAACGCGCCCTCTACACTAACGTTAACTGAACATC 1000
QY 937 TATTTAAGAAGTTATATATATGACTAAATTTATTTAAAGATATACACTAATAT 996
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1001 TACTACGACGCTGTATCAACAGGCGCTGAATTCATCATCAACGCTACCTCCGACACAC 1060
QY 997 GAAATGATTTCTTTGTTAATCACTGATTTTATTAATTAATATATATATATACAT 1056
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1061 GAAATGATTTCTTTGTTAATCACTGATTTTATTAATTAATATATATATATATACAT 1120
QY 1057 AATGACATTTAGTATGATTCGAAAGATGAAATGCAATGCTTATATATCTGATAGATT 1116
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1121 AACGACACATCTGTTGTTACCCGAAAGAGGTTACGCTTCAACCAACGCTGAGAGATT 1180
QY 1117 CTAAAGATAGTTATATATGCCCCAGATCCCTTTATTAATAAAGATGAGACGTAA 1176
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1181 CTGCGCTGTGTTACAAACGCTCGGGGATCCGCTGTACAAAAAATGGAAGCTGTAA 1240
QY 1177 TTGCGGATTTAAACCTATCTGTACACCTTAATTAATATATATATATATATATAT 1236
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1241 CTGCGGACCTGAAACCACTCTGTTCACTGAACTGAACTGACGACCAAAAGCGTTCT 1300
QY 1237 TTAGACTAGTATGATCCCATTAATGTTCAATAGTGAACGATCAATAGGATATATTA 1296
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1301 CTGGGCTGTGTTGTTACCCACAAAGGTCAGATGTTAGACACCCGAGCCGTGATCTG 1360
QY 1297 ATTTGACAGCACTGCTGTTTATATCAATTAAAGATAAATTTTAGATGTTGATGTTAC 1356
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1361 ATCGCTTCACTGATGTTCAACCACTGAAAGACAAATCTGCGTTGCGACTGTTAC 1420
QY 1357 TTTTGAACCTACAGATGAGGATGAGCAATGATT 1390
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1421 TTGCTTCGACGATGAAAGTTGGACCAACGACT 1454
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

```

RESULT 10
US-08-379-611-17
: Sequence 17, Application US/08379611
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT:
: TITLE OF INVENTION: VACCINES
: NUMBER OF SEQUENCES: 20
: COMPUTER READABLE FORM:
: MEDIUM TYPE: Floppy disk
: COMPUTER: IBM PC compatible
: OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
: SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (Epo)
: CURRENT APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER: US/08/379,611

```

```

: FILING DATE:
: CLASSIFICATION: 424
: PRIOR APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER: GB 9216317.9
: FILING DATE: 31-JUL-1992
: PRIOR APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER: GB 9306398.0
: FILING DATE: 26-MAR-1993
: INFORMATION FOR SEQ ID NO: 17:
: SEQUENCE CHARACTERISTICS:
: LENGTH: 3754 base pairs
: TYPE: nucleic acid
: STRANDEDNESS: double
: TOPOLOGY: circular
: MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
: HYPOTHEetical: NO
: ANTI-SENSE: NO
:
US-08-379-611-17
Query Match 57.2% Score 796.8; DB 7; Length 3754;
Best Local Similarity 74.3%; Pred No. 3.4e-128;
Matches 1005; Conservative 0; Mismatches 347; Indels 0; Gaps 0;
QY 37 AAAAACTGGATTGTTGGCTGATATGAAGAGATATAGATGTTATTTAAAAAGAGT 96
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 101 AAAACCTTGATTTGGTGCGACAAAGAAAGACATGATGTTATTCCTGAAAAAGTCT 160
QY 97 ACAATTTAAATTTGATTTATATATGATTTATATCAATATATCTGGGTTAATTCA 156
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 161 ACCATTCTGAACCTTGACATCAACAACGATATATCTCCGACATCTCTGTTCAACTCC 220
QY 157 TCTGTAATATACATTCAGATGCTCAATGATGTCGCGGGAATTAATGCAAGCAATACAT 216
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 221 TCTGTATCACATATCCAGATCTCAATGTTGTCGCGGATCAACGCGCAAGCTATCCAC 280
QY 217 TTAGTAACAATGAATCTCTGTAAGTTATGTCATTAAGCTATGATTTGAATATAT 276
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 281 CTGCTTAACAAGCAATCTCTGTAAGTTATGTCATTAAGCTATGATTTGAATATAT 340
QY 277 GATATGTTAATATTTTACCTGTTAGCTTTGTTGAGGCTTCTTAAGTATGCTAGT 336
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 341 GACATGTTCAACCACTTCAACGCTGTTAGCTGTCGCGGCTTCCGAAATTTCTGCTTC 400
QY 337 CATTTAGAACATATGACCAATAGTATTCATATATATAGCTATGAAAAACATAGT 396
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 401 CACCTGGAACAGTACGACACTACAGATCTCATCATCATAGCTATGAGAAGAACACTGC 460
QY 397 CTATCATATAGATCTGTTGAGTATCTATCACTTAAGATTAATATATATATATAT 456
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 461 CTGTCATCGGCTGCTGTTGCTCTTCCCTGGAAGGTAACAACCTGATCTGACTG 520
QY 457 AAAGATCCGGGGGGAAGTTAGCAATTAATCTTTAGGATTTACCTGTAATTAAT 516
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 521 AAAGATCCGGGGGGAAGTTAGCAATTAATCTTTAGGATTTACCTGTAATTAAT 580
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 517 GCTTATTAGCAAAATTAATGAGTTTATTAATCTATTAATGATGATTAATCTTCTGCT 576
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 581 GCGTACCTGGCTAACCAATGGGTTTTCATCACTATCACTACAGATCGTCTGTTGCT 640
QY 577 AATTTGTATATAATGAGTACTATTGGAAGTGCAGAAATTTACTGGTTAGAGCAATT 636
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 641 AACCTGTACATCAACGCGCTTGATGGGCGCCGCTGAATCACTGCTGCTGGCGCTATC 700
QY 637 AGAGAGATATATATATACATTAAACCTGANTAGATGTAATTAATTAATCAATACGTT 696
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 701 CGTGGAGAACAAACATCACTTTTAACTGAGCCGTTGCAACAAACAAACCACTACGTA 760
QY 697 TCTATTGATTAATTTGCAATATTTTGCAGAAATTAATCCAAAGATGTAAGAAATTA 756
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 761 TCCATGACAGATTCCTGATCTTCTGCAAAAGCACTGAACCCGAAAGATGCAAAAGCTG 820
QY 757 TACACAAGTATTATCTATACCTTTTAAAGACTTCTGGGGAACCCCTTACGATAT 816
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

Db 821 TATACCAGTACCTGTCTATACCTTCCCTGCTGACTTGTGGGGTATACCGCGCTTAC 880
 QY 817 GATACAGATATATATATATATACAGTACTTCTAGTTCTAAGATGTTCATTTGAAAT 876
 Db 881 GACACCAATATATACCTGATCCCGTAGCTTCTAGCTCTAAGAGCTTCAGCTGAAATAC 940
 QY 877 ATACAGAT 936
 Db 941 ATCACTGACTACATCTACCTGACCAACGCGCTCTACACTAACCGTAACTGAACATC 1000
 QY 937 TATTTAAGAT 996
 Db 1001 TACTACGACAGCTCTTACACGCGCTGAAATTCATCATCAACGCTACCTCGAACAAC 1060
 QY 997 GAATAGATCTCTTTGTTAATACAGGTATTTATATATATATATATATATATATATAT 1056
 Db 1061 GAATGCAATCTCTTGTAAATCTGCTGACTTCATCAAACTGACTTCTTATCAACAC 1120
 QY 1057 AATGACATTTGTAGTTATATCCGAAGATGGAATGCTTTATATATATCTTATGACAT 1116
 Db 1121 AACGACACATCTGTTGTTACCGCAAGAGCGTAAAGCTTTTCAACACCTGCAAAAT 1180
 QY 1117 CTAAAGTAGTTTAT 1176
 Db 1181 CTGCGTGTGTTTACAGGCTCCGCGTATCCGCTGTACAAAAATGSAAGCTGTTAA 1240
 QY 1177 TTGCGTATTTAAAACTATTTCTTACACTTAAATATATATATATATATATATATAT 1236
 Db 1241 CTGCGTGTACGAAACCTACTCTGTACAGTGAACCTGACAGACAAAAACGCTTCT 1300
 QY 1237 TTAGACATAGTAT 1296
 Db 1301 CTGCGTGTGTTGTTACCGCAACAGCGTAAAGCTGTAACCGCGTACATCTAC 1360
 QY 1297 ATTCGACATGTTTAT 1356
 Db 1361 ATTCGTTTATCTGTTTACAGGCTCCGCGTATCCGCTGTACAAAAATGSAAGCTG 1420
 QY 1357 TTGTTACCTACAGATGAGGATGACAAATGA 1388
 Db 1421 TTGTTGCGACCGATGAGGTTGACCAACGA 1452

RESULT 11

US-08-586-740A-6
 : Sequence 6, Application US/08586740A
 : GENERAL INFORMATION:
 : APPLICANT: Khan, Mohammed Anjam
 : APPLICANT: Hormaeche, Carlos Estenio
 : APPLICANT: Chatfield, Steven Neville
 : APPLICANT: Dougan, Gordon
 : TITLE OF INVENTION: VACCINE COMPOSITIONS
 : FILE REFERENCE: M0975/7000
 : CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/586,740A
 : PRIOR FILING DATE: 1996-07-19
 : PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB93/01617
 : PRIOR FILING DATE: 1993-07-30
 : PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9401787.8
 : NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
 : SOFTWARE: PatentIn version 3.0
 : SEQ ID NO 6
 : LENGTH: 3754
 : TYPE: DNA
 : ORGANISM: Artificial Sequence
 : FEATURE:
 : NAME/KEY: misc_feature
 : LOCATION: (1)..(3754)
 : OTHER INFORMATION: plasmid pTECH1
 US-08-586-740A-6

Query Match 57.2% Score 796.8; DB 9; Length 3754;
 Best Local Similarity 74.3%; Pred. No. 3.4e-128;

	Matches 1005; Conservative 0; Mismatches 347; Indels 0; Gaps 0;
QY 37	AAAATCTGATGTTGGGTGATATGAGAAATATAGATGTTATATTAATAAAGACT 96
Db 101	AAAACCTTGATTTTGGGTGACACAGAAAGATGATGATGTTATCTGAAAAGTCT 160
QY 97	ACAATTTTAAATTTAGATTTTAAATGATTTATATATAGATATATATGAGTTTAAATCA 156
Db 161	ACCATCTGAACTTGACATCAACAGATATATATCTCGACATCTCTGTTTCAACTCC 220
QY 157	TCGTATATACATATCCAGATGCTCAATTTGGTCCCGGAATTAATGCGCAACATACAT 216
Db 221	TCGTATATACATATCCAGATGCTCAATTTGGTCCCGGAATTAATGCGCAACATACAT 280
QY 217	TTAGTAAACAATGATCTCTGAAATTTATAGTAAAGCTATGATGATGATGATGATGAT 276
Db 281	CTGTTTACCAAGATCTCTGAAATTTATGTTGCAAGGCTATGACATGCAATTAACAC 340
QY 277	GATATGTTTAAATTTTACCGTTAGCTTTTGGTTGAGGGTCCATAAGTATCTGCTAGT 336
Db 341	GACATGTTTAAACAATCTCACCGTTAGCTTTGGTCCCGGATCCGAAAGTTCTGCTTCC 400
QY 337	CATTTAAACAATTTGACAAATGAGTATTCATTAATTAATGCTCTATGAAAAACATACAT 396
Db 401	CACCTGGAACAGTACGCGACTACAGTATCCATCATCAGCTCATATGAAGAACACTCC 460
QY 397	CTATCAATAGGATCTGTTGGATGATATCACTTAAAGTAAATATATATATATATATAT 456
Db 461	CTGTCATCTGCGCTCTGTTGTTGCTGTTTCCCTGAAGGTTACAACTGATCTGACATCTG 520
QY 457	AAAGATTCGCGGAGAGATTAGCAAAATTAACCTTTAGGATTTTACCTGATTAATTTAAT 516
Db 521	AAAGATTCGCGGAGAGATTAGCAAAATTAACCTTTAGGATTTTACCTGATTAATTTAAT 580
QY 517	GCTTATTTAGCAATTAATGGGTTTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 576
Db 581	GCCTATCTGCTGCTCAAAATGGGTTTATATATATATATATATATATATATATATATAT 640
QY 577	AATTTGATATTAATTTGAGTACTTATGGAAGTGAAGAAATTTAGGTTTATAGACTATT 636
Db 641	AACCTGTACATCAACGCGCTCTGATGAGCTCCGCTGAAATCACCTGCTGGGCGCTATC 700
QY 637	AGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 696
Db 701	CGTAGGACAAACAATCATCTTAAGCTGAGCGTTGCAACAACAACAGACGTAACGTA 760
QY 697	TCTATTTATTAATTTAGATATTTTGCACAAATTTAATCCAAAAAGATTTGAAAAATTA 756
Db 761	TCCATGCAACAAGTCCGTAATCTTCTGCAAAACCTGAAACCGGAAAGATCGAAAAACTG 820
QY 757	TACACAGTTATTTAT 816
Db 821	TATACAGTACCTGTTAT 880
QY 817	GATACAGATTTATTTTAAATCAAGCTTCTAGTTCTAAAGATTTTCAATTTGAAAAAT 876
Db 881	GACACCAATATTAACGTAATCCGCTGAGCTTCTAGCTTAAAGAGCTTCAGCTGAAAAAC 940
QY 877	ATACAGATTTATTTTAAATTTTGAACAATGCGGCAATCTGATTAACGGAATTTGAAATTA 936
Db 941	ATCACTGACTACATCTGCTGACCAACGCGCTCTACACTTAACGTTAACTGAACTATC 1000
QY 937	TATTTATGAAGATTTAT 996
Db 1001	TACTACGACAGCTCTGTTACAAAGGCTGAAATTCATCATCAACGCTACACTCCGAACAAC 1060
QY 997	GAATAGATTTCTTTGTTAATCAAGGATTTTATTAATTAATATATATATATATATATAT 1056
Db 1061	GAATGCAATCTCTTGTAAATCTGCTGACTTCATCAAACTGACTTCTTACAAACAAC 1120
QY 1057	AATGACACATTTGATGTTATCCGAAGATGGAATGCTTTAATATCTTGTATGAAATTT 1116
Db 1121	AACGACACATCTGTTGTTACCGCAAGAGCGTAAAGCTTTCAACACCTGACAGAAATTT 1180

QY	1357 TTTGTACCTACAGATGAGGGATGCACAATGA	1388
Db	1421 TTCGTCCGACCGATGAGGTTGACCACAGA	1452

RESULT 13
MS-08-676

```

? Sequence 5, Application US/08676354A
? GENERAL INFORMATION:
? APPLICANT: Khan, Mohammed Anjam
? APPLICANT: Chatville, Steven Neville
? APPLICANT: Li, Jingli
? TITLE OF INVENTION: EXPRESSION OF HETEROLOGOUS PROTEINS IN
? NUMBER OF SEQUENCES: 7
? CORRESPONDENCE ADDRESS:
? ADDRESSEE: Wolf, Greenfield & Sacks, P.C.
? STREET: 600 Atlantic Avenue
? CITY: Boston
? STATE: MA
? COUNTRY: USA
? ZIP: 02210
? COMPUTER READABLE FORM:
? MEDIUM TYPE: Floppy disk
? COMPUTER: IBM PC Compatible
? OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
? SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)
? CURRENT APPLICATION DATA:
? APPLICATION NUMBER: US/08/676,354A
? FILING DATE: 20-NOV-1996
? PRIOR APPLICATION DATA:
? APPLICATION NUMBER: GB 9401795.1
? FILING DATE: 31-JAN-1994
? PRIOR APPLICATION DATA:
? APPLICATION NUMBER: PCT/GB95/00196
? FILING DATE: 31-JAN-1995
? ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
? NAME: GATES, EDWARD R.
? REGISTRATION NUMBER: 31,616
? REFERENCE/DOCKET NUMBER: M0975//001
? TELECOMMUNICATION INFORMATION:
? TELEPHONE: 617-720-2441
? TELEFAX: 617-720-2441
? INFORMATION FOR SEQ ID NO: 5:
? SEQUENCE CHARACTERISTICS:
? LENGTH: 3769 base pairs
? TYPE: nucleic acid
? STRANDEDNESS: double
? TOPOLOGY: circular
? MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
? HYPOTHEICAL: NO
? ANTI-SENSE: NO
? IS-08-676-354A-5

```

Query Match	57.28;	Score 796.8;	DB 10;	Length 3769;
Best Local Similarity	-74.3%;	Pred. No. 3.4e-128;		
Matches 1005; Conservative	0;	Mismatches 347;	Indels 0;	Gaps 0;

QY	37	AAAAATCTGGATTGGGGTGTAAATGAAGAATATAGATCTTATTTAAAAAAGAGT	96
Db	101	AAAACCTTGATTGGTGGCGCAACGAAGAAGACATCGATCTTTTCCGAAAAAGTC	160
QY	97	ACAATTTTAAATTAGATATATTAATGATATATATACGATATATCTGGGTTTAATCA	156
Db	161	ACCAATTCGAACTTGGACATCAACAACGATATTATCTCCACATCTCTGGTTTCAACTCC	220
QY	157	TCTGTAATACATATCCAGATGCTCAATTGGTCCCGGAATTAATGGCAAGAACAATACAT	216
Db	221	TCTGTTATCACAATTCACAGATGCTCAATTGGTCCGCGCATCAACGGCAAAAGGATATCCAC	280
QY	217	TTAGTAACAATGAATCTCTGAGAGTTAATAGTGCATAAAGCTATGCAATATGAAATATAT	276

Db	281	CTGGTTAACAAACGAATCTTGTGAAGTTATCGTGCACAAGGCCATGAGCATGGAATACAAAC	340
Qy	277	GATATGTTTATATATTTTACCCTAGATGTTTTGGTTGAGGGTTCCTAAGTATCTGCTAGT	336
Db	341	GACATGTTCAACAACCTTACCGGTAGCTTTCGGCTGCCGCTCCGAAAGTTTGTGCTTCC	400
Qy	337	CATTTAGAACAAATATGGACACAAATGAGTATTCATTAATTAATAGCTCTATGAAAAACATAGT	396
Db	401	CACCTGGAACAGTAGGCGCATTAAGSAGTACTCCATTCATCAGCTCTATGTAAGAACATCCAC	460
Qy	397	CTATCATATAGGATCTGGTTGGAGTGTACTTAAAGTAATTAATCTTAATATGACCTTTA	456
Db	461	CTGTCCATCGGCTCTGGATTGGTGTCTGTTTCCCTGAAGGGTAAACCAACGTATGTGACCTCG	520
Qy	457	AAAGATATCCCGGGAGAGATTTAGACAATTAATCTTTTGGGATTTTACCTGATTAATTTAT	516
Db	521	AAAGATCTCCGGGGGCAAGTTCCGTACATCACTTTCCGGACCTCCGGACAAAGTTTCAAC	580
Qy	517	GCTTATTTAGCAATAATGCGTTTATTAATCTAATAGATAGATTAATCTTCTGCT	576
Db	581	GCGTACCTGGCTAACCAATGGTTTCTATCATCTATCACTAAGATCGCTCTCTCTGCT	640
Qy	577	AATTTGATTAATATGAGTACTTATGGGAAGTGCACAAATTAATGCGTTTGGAGCTATT	636
Db	641	AACTGTACATCAACGGCGCTTTCGATGGCTCCGCTAAATCACTGGTCTGGGCGCTATC	700
Qy	637	AGAGAGATTAATATATATACATTAAAACTAGATAGATGTATTAATTAATCAATACGTT	696
Db	701	CGTAGAGCAACAACATCATCTTTAACTGTGACCGTTGCACAACACAAACAGTAGCTA	760
Qy	697	TCTATTTGATTAATTTTGGATTAATTTTGCAAAGCATTAATCCAAAAGATTTGAAAAATTA	756
Db	761	TCCATGACAAGTTTCCGTATCTTCTGCAAAAGCATGAAACCGGAAAGATCCGAAAAATCG	820
Qy	757	TACACAAGTTATTTATCTATTAACCTTTTAAAGACTCTGGGGAAACCCCTTACGATAT	816
Db	821	TATACAGTACCTGTCTATCACCTTCCGCGTACCTTCGTGGGGTAAACCCCTGCGTTAC	880
Qy	817	GATACGAATATTTATTTTAAATACCAGTAGCTTCTAAGTCTTAAAGATGTTCAATTGAAAAAT	876
Db	881	GACACCGAATATTAACCTGATCCCGGAGCTTCTAAGCTCTAAAGCGTTGACGTGAAAAAC	940
Qy	877	ATAACAGATTAATGTATTGTAACAAATGGCCATCGTATCTAAACGAAAAATTAATATA	936
Db	941	ATCAGCTAGCTACTATGTACCTGACGCCAACGGCCCTCTACACTAAGGGTAAATCTBAATC	1000
Qy	937	TATTTAGAGGTTTATATATATGAGCTAAAAATTTATTAATAAAGATATACACTAATAT	996
Db	1001	TACTACCGGACGTCGTACAAACGGCTGAATATCATCATTCAAAACGCTACACTCCGAACAC	1066
Qy	997	GAAATAGATCTCTTGTGTTAATCAGSGATTTTATTAATTAATATATATATATATTAACAT	1056
Db	1061	GAAATCGATTCCTTGCTTAATATGTGTGACTTCACTAACAATGTACGTTTCTTCAACAAAC	1120
Qy	1057	AATGAGACATTTGTAGTATATCCGAAGAATGGAATGCGTTTATATATCTTGATAGATTT	1116
Db	1121	AACGGAACACATGTTGGTTTACCGCGAAAGACGGTAAGCGTTTCAACAACCTGAGCAAGATT	1180
Qy	1117	CTAAGAGTAGGTTATATATGCGCCAGTATCCCTCTTTATATAAAAAATGAAAGCAGTAAAA	1176
Db	1181	CTGCGTGTGTTGTTACAAACCTCCGGGTATCCCGCTGTACAAAAAAATGGAAGCGTTTAAA	1240
Qy	1177	TTCGCTGATTTTAAAAACATATCTGTACAACTTAATTTATATGATGTTAAAAATGCAATC	1236
Db	1241	CTGCGTAGAAGCTAAAAACCTACHTCTGTTCAGCTTAAACTGTACGACGCAAAAAACGCTTCT	1300
Qy	1237	TTAGAGCTAGTAGTACCCATATATGSTCAATATAGGCAACGATCCAAATATAGGATATATTA	1296
Db	1301	CTGGGTCTGGTTGTATACCAACAACGCTCAGATGCTATAGCAACCGTAACGTCGATCCTCG	1360
Qy	1297	ATTGCAAGACATGATCTTTATATCATTTTAAAAAGTAAAAATTTTACGATGTGATGCTAC	1356
Db	1361	ATCGCTCTTAAGCTGTACTTCAACAACGTCGGAACAAAAATCCCTGGGTGCGAGCTGGTAC	1420

QY 1357 TTGTACTACAGATGAGGATGACAAATGA 1388
DB 1421 TTGTTCCGACGATGAAGTTGGACCAACGA 1452

RESULT 14

US-08-676-354-5
; Sequence 5, Application US/08676354C
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Khan, Mohammed Anjam
; APPLICANT: Chatville, Steven Neville
; APPLICANT: Li, Jinli
; TITLE OF INVENTION: EXPRESSION OF HETEROLOGOUS PROTEINS IN ATTENUATED BACTERIA
; FILE REFERENCE: M0975/7001
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/676, 354C
; EARLIER FILING DATE: 1996-11-20
; EARLIER APPLICATION NUMBER: GB 9401795.1
; EARLIER FILING DATE: 1994-01-31
; EARLIER APPLICATION NUMBER: PCT/GB95/00196
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 8
; SOFTWARE: FastSeq for Windows, Version 3.0
; SEQ ID NO 5
; LENGTH: 3769
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: 1..3769
; OTHER INFORMATION: Artificial sequence is plasmid pTECH2
US-08-676-354-5

Query Match 57.28; Score 796.8; DB 10; Length 3769;
Best Local Similarity 74.3%; Pred. No. 3,4e-128;
Matches 1005; Conservative 0; Mismatches 347; Indels 0; Gaps 0;

QY 37 AAAAATCGATGTTGGTGGTGAATGAAGATATAGTGTATATTAATAAAGAGT 96
DB 101 AAAAACCCTTATTTTGGTTCGACACAGACAGACATCGATGTTATCTGAAAAAGTCT 160
QY 97 ACAATTTTAATTTAGATATTAATGAATATATATATATATATATATATATATCA 156
DB 161 ACCATTCTGAACCTGACATCAACAGATATATATATATATATATATATATATCA 220
QY 157 TCTGTAT 216
DB 221 TCTGTAT 280
QY 217 TTAGTAAACATGATCTTCTGAAGTATAGTGAATGAATGAATGAATGAATGAAT 276
DB 281 CTGTTTAAACAGATCTTCTGAAGTATAGTGAATGAATGAATGAATGAATGAAT 340
QY 277 GATATGTTTAAATATTTTACCGTTAGCTTTTGTGAGGTTTCTTAAGTATCTGCTAGT 336
DB 341 GACATGTTTAAACATCTTACCGTTAGCTTTTGTGAGGTTTCTTAAGTATCTGCTAGT 400
QY 337 CATTTAAACATATGTCACAAATGAGTATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 396
DB 401 CACCTGGAACAGTACGACATCAACGAGTACTCATCACTCACTCACTCACTCACTCC 460
QY 397 CTATCAATAGATCTGTTGGAGTGTATCACTTAAGGTAATTAATTAATTAATTAAT 456
DB 461 CTGTCATCGGCTCTGTTGGTGTATCCCTGAAGGTAATTAATTAATTAATTAAT 520
QY 457 AAAGATTCGGGGGAGAGTTAGCAAAATTAATTTAGGATTTAATTAATTAATTAAT 516
DB 521 AAAGATTCGGGGGAGAGTTAGCAAAATTAATTTAGGATTTAATTAATTAATTAAT 580
QY 517 GCTATTTAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 576
DB 581 GCGTACCTGGCTAACAAATGGGTTTTCATCACTCACTCACTCACTCACTCACTCTGCT 640

QY 577 AATTGTATATAAATGAGTACTTATGGAAGTGCAGAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 636
DB 641 AACCTGTACATACAGGCTTGTGATGGGCTCCGCTGAATATCACTGTTGGGCGCTATC 700
QY 637 AGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 696
DB 701 CGTGAAGACAAACATCACTCTTAAGCTGAGCGTTGGCAACAAACAAACAGTACGTA 760
QY 697 TCTATTTAGTAAATTAAGTATTTTGGCAAAAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 756
DB 761 TCCATGCAACAGTCTCGTATCTTCTCAAAAGCTGAACCCGAAAGAGATGAAAACTG 820
QY 757 TCACAAAGTATTTATCTTAACCTTTTAAAGAGCTTCTGGGAAACCTTACAGATAT 816
DB 821 TATACAGCTACCTGCTATCACTCTTCTGCGTACTTCTGGGTAACCCGCTGCTTAC 880
QY 817 GATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 876
DB 881 GACACGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 940
QY 877 ATAACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 936
DB 941 ATCACTGACTATATGATGACCAAGCGCCGCTTACACTAAGCGTAAACGTAACATC 1000
QY 937 TATTTAGAAAGTATATATATATGAGCTAAATTTATTAATAAAGATTAATTAATTAAT 996
DB 1001 TACTACCGAGCTGTACCAAGCGCTGAATTTATCATCAACGCTACCTCCGAAACAC 1060
QY 997 GAATAGATTCCTTTTGTAAATAGGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1056
DB 1061 GAATAGATTCCTTTTGTAAATAGGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1120
QY 1057 AATGAGACATGTTAGCTTATCCGAAGATGGAATGCTTATATATATATATATATTAAT 1116
DB 1121 AACGAAACATGTTGTTGTTTACCGAAAGAGGATGAGCTTCAACACCTGAGAGATTT 1180
QY 1117 CTACAGAGTAT 1176
DB 1181 CTGCGTGTGTTTACCAAGCTCCGGGTATCCGCTGTACAAAAAATGAAAGTGTAAA 1240
QY 1177 TTGCGGATTTAAACCTATTTCTGTACAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1236
DB 1241 CTGCGGAGCTGAAACCTATCTGTACCTGAACCTGTAACGCGCAAAAGCTTCT 1300
QY 1237 TTAGGACTAGTATGATCCCATTAATGCAATATGCAACGATCCAAATAGGATATATTA 1296
DB 1301 CTGGGCTGTGTTGTACCAACAGGTCAGATCGGTACGACCCGAAACCGTACATCTG 1360
QY 1297 ATTGCAAGCACTGTACTTTTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1356
DB 1361 ATGCTTTTAACTGTAATTTCAACCACTGAACCAAAATCCGTGGTGTGAGTGTAC 1420
QY 1357 TTGTGTACTACAGATGAGGATGACAAATGA 1388
DB 1421 TTGTTCCGACGATGAAGTTGGACCAACGA 1452

RESULT 15

US-08-586-740A-9
; Sequence 9, Application US/08586740A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Khan, Mohammed Anjam
; APPLICANT: Hormaeche, Carlos Estenio
; APPLICANT: Chaffield, Steven Neville
; APPLICANT: Dougan, Gordon
; TITLE OF INVENTION: VACCINE COMPOSITIONS
; FILE REFERENCE: M0975/7000
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/586, 740A
; EARLIER FILING DATE: 1996-07-19
; EARLIER APPLICATION NUMBER: PCT/GB93/01617
; PRIOR FILING DATE: 1993-07-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9401787.8

```

: PRIOR FILING DATE: 1994-01-31
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
: SOFTWARE: PatentIn version 3.0
: SEQ ID NO 9
: LENGTH: 4378
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Artificial Sequence
: FEATURE:
: NAME/KEY: misc-feature
: LOCATION: (1)..(4378)
: OTHER INFORMATION: plasmid pTECH1-P28
: NAME/KEY: misc-feature
: LOCATION: (98)..(100)
: OTHER INFORMATION: Tet C gene start codon
: NAME/KEY: misc-feature
: LOCATION: (528)..(533)
: OTHER INFORMATION: SacII restriction site
: NAME/KEY: misc-feature
: LOCATION: (1454)..(1465)
: OTHER INFORMATION: hinge domain
: NAME/KEY: misc-feature
: LOCATION: (1466)..(1471)
: OTHER INFORMATION: XbaI restriction site
: NAME/KEY: misc-feature
: LOCATION: (1472)..(1474)
: OTHER INFORMATION: S. mansoni P28 gene start codon
: NAME/KEY: misc-feature
: LOCATION: (2105)..(2107)
: OTHER INFORMATION: stop codon
: NAME/KEY: misc-feature
: LOCATION: (2108)..(2113)
: OTHER INFORMATION: BamHI restriction site
US-08-586-740A-9

```

```

Query Match      57.2%; Score 796.8; DB 9; Length 4378;
Best Local Similarity 74.3%; Pred. No. 3.4e-128;
Matches 1005; Conservative 0; Mismatches 347; Indels 0; Gaps 0;

```

```

QY 37 AAAAATCGATGTTGGTGGTGAATGATGAAGAAGATGATGATTAATTAATAAAGAGT 96
DB 101 AAAAACCTGATGTTGGTGGTGGACACGACGACGACGATGATGATGATGATGATGAT 160
QY 97 ACAATTTAATTTAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 156
DB 161 ACAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 220
QY 157 TCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 216
DB 221 TCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 280
QY 217 TTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 276
DB 281 CTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 340
QY 277 GATATGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 336
DB 341 GATATGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 400
QY 337 CATTTAGACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 396
DB 401 CACCTGGAACAGTACGACGACGACGACGACGACGACGACGACGACGACGACGACGAC 460
QY 397 CTATCAATAGGATCTGTTGAGTATCACTTAAGGTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 456
DB 461 CTGTCATCGGCTGTTGAGTATCACTTAAGGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 520
QY 457 AAGATTTCCCGGAGAGTTAGACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 516
DB 521 AAGACTCCCGGAGAGTTAGACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 580
QY 517 GCTTATTTAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 576
DB 581 GCGTACTGCTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 640

```

```

QY 577 AATTGTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 636
DB 641 AACCTGTACATCAACGCGCTGTGATGGCGCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 700
QY 637 AGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 696
DB 701 CGTGAGACAAACAACTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 760
QY 697 TCTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 756
DB 761 TCCATCGACAAAGTTCCGATCTTCTGCAAAAGCAGTGAACCCGAAAGATGAAAACTG 820
QY 757 TACACAGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 816
DB 821 TATACAGTACTGCTGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 880
QY 817 GATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 876
DB 881 GACACCGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 940
QY 877 ATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 936
DB 941 ATCACTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1000
QY 937 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 996
DB 1001 TACTACCGACGCTGTGTAACAAAGCGCTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1060
QY 997 GAAATAGATTTCTTTGTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1056
DB 1061 GAAATAGATTTCTTTGTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1120
QY 1057 AATGACACATGTTGTTGTTATGCAAAAGATGAAATGCAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1116
DB 1121 AAGCAACACATGTTGTTGTTATGCAAAAGATGAAATGCAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1180
QY 1117 CTAAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1176
DB 1181 CTGCGTGTGTTTAAACGCTCCGCGGTATCCCGCTGTACAAAATTAATTAATTAATTAAT 1240
QY 1177 TTGCGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1236
DB 1241 CTGCGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1300
QY 1237 TTAGCAGTATGTTGTTATGTTATGTTATGTTATGTTATGTTATGTTATGTTATGTTAT 1296
DB 1301 CTGCGTGTGTTGTTATGTTATGTTATGTTATGTTATGTTATGTTATGTTATGTTATGTTAT 1360
QY 1297 ATTGCAACCACTGTTACTTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1356
DB 1361 ATGCGTTTAACTGTTACTTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1420
QY 1357 TTTGTTACTAGATGAGGATGACAAATGA 1388
DB 1421 TTTGTTCCGACGATGAAGTTGACCAAGA 1452

```

Search completed: December 1, 2002, 11:16:42
Job time : 3183 secs

Db 6626 ATATGATATTAATAATTTATTTTAAATTTATGATGATATATTAAGTTGTA 6685
QY 1240 GGACAGTAGTAGTACCATTAATGTCATAGCAAGATCCAAATAGGATATTTAAT 1299
Db 6686 TATATATATGGGATTAATATGATGTTTGTATATGATATATTTGTAGCATTTAAAT 6745
QY 1300 GCAAGCAACTGCTCTTATTCATTTAAAGATTAATAATTTAGATGATGTTACTTT 1359
Db 6746 TAAAGTATATGATATATTTATTTTAAATTTATTTTGTGATGAGATATTT 6805

RESULT 4

US-10-240-453-26/c
; Sequence 26, Application US/10240453
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OLEK, Alexander
; APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
; APPLICANT: BERLIN, Kurt
; TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with DNA
; TITLE OF INVENTION: Transcription
; TITLE OF INVENTION: by Means of Assessing the Methylation Status of Genes Associated
; FILE REFERENCE: 5013.1009
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/240.453
; PRIOR FILING DATE: 2002-10-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/03973
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-06
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019058.8
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-06
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019173.8
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-01
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 350
; SEQ ID NO 26
; LENGTH: 5979
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-240-453-26

Query Match 4.7%; Score 66; DB 6; Length 5979;
Best Local Similarity 45.2%; Pred. No. 0.00019;
Matches 243; Conservative 0; Mismatches 295; Indels 0; Gaps 0;

QY 690 ATACGTTTCTATGATTAATTTAGATATTTTGCAGATTAATCCAAAGAGATTGA 749
Db 5176 ATTTTCTTCTTACTTTTCTTTTCTTACTTCTTAAATATATTAATTAATAATA 5117
QY 750 AAAATATACACAGTTATTTATCTATACCTTTTAAAGACTTCTGGGAAACCTTT 809
Db 5116 AATATCTATTTCTTATCTCTACTATTTACATTAACATTAATATTTTAAATAATTT 5057
QY 810 ACATATGATGACGATATTTATTAATACAGTAGCTTCTAGTCTTAAGATGTTCAAT 869
Db 5056 AAAATATATTAATTAATATCATTAATTTCTTTAAATTTTAAATAATAATTTT 4997
QY 870 GAAATATACAGATTTATGATTTGCAAAATGCCCATGCTATCTAACGGAATTT 929
Db 4996 TAAAAAATATTAATTAATTTATCTATCTATCTATCAAAAAATATTAACCTTAA 4937
QY 930 GAATATATATTAAGAGTTATATATAGACTAAATTTATTAATAAAGATATACAC 989
Db 4936 TTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4877
QY 990 TAAATATGAATGATTTCTTTTAAATAGGATTTATTAATTAATTAATTAATTAAT 1049
Db 4876 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4817
QY 1050 TAAATATATGACATTTGATGTTATTCGAAAGATGAATGCCCTTAAATATCTTGA 1109

Db 4816 CCACCTTCATTTAAACTTAATCTTATTAACATTAATAATAATTAATTTATTA 4757
QY 1110 TAAATTTCTAAGAGTAGCTTATTAATGCCCGATATCCCTTTATTAATAAAGGAAGC 1169
Db 4756 ATTAACCTTAACAAAAATTAATTAATTTTACTTTTAACTCTCTCAAAAAATACATATCC 4697
QY 1170 AGTAAATTCGATTTAAATAACCTTCTGCTACACTTAATTAATTAATTAATTAAT 1227
Db 4696 CTTAATTTTAAAAATTAACAAATCAATTAATAATTTTACTTAATTAATTAATAA 4639

RESULT 5

US-10-257-166-18
; Sequence 18, Application US/10257166
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OLEK, Alexander
; APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
; APPLICANT: BERLIN, Kurt
; TITLE OF INVENTION: Method and Nucleic Acids for Analysing the Methylation of
; TITLE OF INVENTION: Genes Implicated in Pharmacogenomics
; FILE REFERENCE: 5013.1011
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/257.166
; PRIOR FILING DATE: 2002-10-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/07470
; DE 10043826.1
; PRIOR FILING DATE: 2001-06-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
; SEQ ID NO 18
; LENGTH: 11422
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-257-166-18

Query Match 4.7%; Score 65.8; DB 6; Length 11422;
Best Local Similarity 43.1%; Pred. No. 0.0002;
Matches 428; Conservative 0; Mismatches 557; Indels 8; Gaps 2;

QY 73 ATAGATGTTATATTAATAAAGAGTACATTTTAAATTTAGATATTAATTAATGATATTATA 132
Db 4763 ATTAATTTGAATATTTATTTAGAGATTTTGTGATTTTGTGAAATTTAAATTTT 4822
QY 133 TCAGATATATCTGCTTTAATTCATCTGTAATTAACATATCCAGATGCTCAATGGTCCC 192
Db 4823 TAGGTTGTTATTTATTTAATTTAATTTTAAATTTTAAATTTTGGATCTTTAATTTGGTAA 4882
QY 193 GAATTAATGCAAAAGCAATTAATTTAGTAACAAATGAATCTCTGAGTATGTCAT 252
Db 4883 GATAGTAGATGTTGTTGAAGAAATTAATGCAATGAAGATTAATTTAATTAATTAAT 4942
QY 253 AAGCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAAT 312
Db 4943 ATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAAT 5002
QY 313 AGCGTTCCTAAGTATCTGCTAGTCAATTTAGAACATATGACACAAATGAGATTTCAATA 372
Db 5003 GTTATGTTATTTATTTATTTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5062
QY 373 ATTACCTATGAAAAAACA-TAGCTATCAATAGAGTCTGTTGAGTATGATCACTTAA 431
Db 5063 TTTTATTAATTAATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5122
QY 432 AGCTAATACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 491
Db 5123 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5182
QY 492 TAGGATTTTACCTGATTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAAT 551

Db 5183 TTTTATTATTAGAGAAAATTTTGAGATTTTATTTAAATGTTAAAGTATATTTTAAAA 5242
QY 552 TACTATATGATAGTATCTCTGCTAATTTGTATATAATGAGTACTATGGAAGTGC 611
Db 5243 GTTTACGTTATTTTAAATTAAGTATTTATATATAGTAAATTTGTTATTTAT 5302
QY 612 AGAATTTACTGTTTGGAGCTATTTAGAGAGATTAATATATTAACATTTAAAGTAGAG 671
Db 5303 TGTAAATTTAGAGATTTATTTATTAAGAGATTTATATAGATTTGATGAGAGTTT 5362
QY 672 ATGTAT 731
Db 5363 TATATGAGTTTATTTAT 5422
QY 732 AATATCAAAAGATTTGAAATTTATATACAGTATTTTCTATATACCTTTTAAAGAGA 791
Db 5423 AAAAATATTTAT 5482
QY 792 CTCTGGGGAACCTTTTACGATTTATACGATATATATATATATATATATATATATAT 851
Db 5483 TATTTATGATTTTATATATATTTTATATATTTTGTGTTAAGTGAATGATGTTA 5542
QY 852 TTCTAAGATGTT-----CAATGAAAAATATATACAGATTTATGATTTGACAATG 904
Db 5543 TTTAAAT 5602
QY 905 CGCATATGATTTATACGAAATTTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 964
Db 5603 TATATATAGTAAAT 5662
QY 965 AATTTATTTAT 1024
Db 5663 AAAGTAAAT 5722
QY 1025 ATTTTATTTAT 1057
Db 5723 ATAGTTTGTGTTTATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 5755

RESULT 6
US-10-240-453-26

; Sequence 26, Application US/10240453
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OLEK, Alexander
; APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
; APPLICANT: BERLIN, Kurt
; TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with DNA
; TITLE OF INVENTION: by Means of Assessing the Methylation Status of Genes Associated
; FILE REFERENCE: 5013.1009
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/240,453
; CURRENT FILING DATE: 2002-10-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/03973
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-06
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019058.8
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-06
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019173.8
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 1003529.7
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-01
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 350
; SEQ ID NO 26
; LENGTH: 5979
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-240-453-26

Query Match 4.7%; Score 65.6; DB 6; Length 5979;

Best Local Similarity 44.1%, Pred. No. 0.00023;
Matches 377; Conservative 0; Mismatches 464; Indels 13; Gaps 2;

QY 211 ATACATTTAGTAAACAAACAACTCTCTGAGCTTATAGTGCATTAAGCTATGATTTGAA 270
Db 2242 ATTAATATATTTAATTTGAATATTTATTTTATTTATGTAATGGAATATGAAATTA 2301
QY 271 TATATGATGATTTTAAATATTTTACCTTACCTTTGCTGAGGCTTCTAAAGTATCT 330
Db 2302 GAATTTATTTTGTATTAAT 2361
QY 331 GCTAGCTATTTAGAACATATATGCGCAATGATGATTTCAATATTTAGCTATGAAAA 390
Db 2362 ATTAGTATTTAGTAAATATGCAAAATTTGATTTTAAATTAAGCGTAAAGTATTTAT 2421
QY 391 CATGCTATCAATGATGATCTGCTGAGCTATGATCACTTAAAGTATTAATATATG 450
Db 2422 GGTAGGCTGATATTTATTTATTTTAAATTTTAAATTTGATTTAAATTAAGCATAT 2481
QY 451 ACTTTAAAGATTTCCGCGGAGAGATTTAGACAAATATACCTTTAGGATTTTACCTGA 510
Db 2482 TATTAATTTTATTTTAAAGTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 2541
QY 511 TTTAATGCTATTTAGCA-----ATAATGGCTTTTATATATATATATATATATAT 561
Db 2542 ATTGGAATTTTAAAGATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2601
QY 562 AGATATCTCTCTGCTAATTTGTATTAATTAATGAGTCTATGGAAGTGCAGAAATTTACT 621
Db 2602 ATATATAGAGATTTAT 2661
QY 622 GGTATAGAGCTATTTAGAGAGATTAATATATATATATATATATATATATATATAT 681
Db 2662 GTATTAATAAGTATTAATAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAGTATATGCT 2721
QY 682 ATATATCATATAGCTTCTATTTGATTAATTTAGATTTTGTGCAAGCATTAATCCAAA 741
Db 2722 ATTTATTTATTTGAAATTTTGCAGTATTAATGATTTGTTTATGTTTATTTAAATTT 2781
QY 742 GAGATTTGAAATTTATACAGAGTATTTATCTATATACCTTTTAAAGACTTCTGGGA 801
Db 2782 GGTATATTAATTTAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTGAGTGTGTTGAAGCT 2841
QY 802 AACCTTTACGATAT---GATACAGATATTTATTAATACAGTACCTTCTAGTTCTAA 857
Db 2842 AAGTATTAATAATAAGTATTTAAATTAATGATTTTAAAGCTATTAATTTGTGAAAA 2901
QY 858 AGATGTTCAATTTGAAATTTATTAACAGATTAATGATTTGATTTGACAAATGCGCATG 917
Db 2902 ACGTAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTTTTCGATTTATTTATTTTATTTATTTAG 2961
QY 918 TAACGGAATTTGAATTTATTTATTAAGAGTTATTTATTAATGCAATTAATTTATTA 977
Db 2962 TTTATTTATTTATTTAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAA 3021
QY 978 AAGATATACCTTAATTAATGAATATGATTTCTTTGTTAAATCGGATTTTATTAAT 1037
Db 3022 ATAAATTTAAATTTATTAATTAATTTTATTTAAAAAATTTAAATTTAGCAATTT 3081
QY 1038 ATATGATCATATTA 1051
Db 3082 TTAAGTGTATTA 3095

RESULT 7
US-10-240-452-34

; Sequence 34, Application US/10240452
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OLEK, Alexander
; APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
; APPLICANT: BERLIN, Kurt
; TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with Apoptosis
; FILE REFERENCE: 5013.1006

[illegible]

```

; 2000-06-30
; 2000-09-01
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
; SEQ ID NO 114
; LENGTH: 6106
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-257-166-114

```

excellent match	4.7%;	Score 64.8;	DB 6;	Length 6106;
Best Local Similarity	47.7%;	Pred. No. 0.00032;		
Matches 189; Conservative	0;	Mismatches 207;		

QY	655	ACATTAAACGATGAGATGTAATATATATATCAATACGTTCTATGTATGTAATATTTAGG	714
Db	3029	AAATATATAATTTATATATATATATATTTTAAATATATATATTTTAAATTTTAAAGATTTT	3088
QY	715	ATATTGGCAAGCATTAATATCCAAAGAGATTTGAAAATATATACACAAGTTATTTACT	774
Db	3089	ATATATATTAATTTATATATATATATATTAATTTATATATATTTATATATTAATTAATTA	3148
QY	775	ATAACCTTTTAAAGACTCTGGGGAACCCCTTTAGCATATGATACAGATTTATTTTA	834
Db	3149	TAATTTATATTAATTAATTTATATATATATATTTATATTTATTTATATATATTTATATATA	3208
QY	835	ATACCAATAGCTTCTAGTCTGTAAGATGTCACATGTAATAATATACACAGATTATATGAT	894
Db	3209	ATTAATTTTAAATAATTTATTTATTAATTTATATATATATATATATTTTAAATTTAATATA	3268
QY	895	TTGCACAAATGCCCATTCGTATACTAAACGAAATTCGATATATATTTATAGAGTTATAT	954
Db	3269	TATTTTATATATATATATATTTATTAATTAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTAAT	3328
QY	955	AATGCACTAAATTTTATTTTAAATAACATATACACCTATATATGAAATAGATTTCTTTGTT	1014
Db	3329	ATATATAATATATATTTAAATTTATTTATTTATATATATTAATTAATTAATATATATTTTAATAT	3388
QY	1015	AAATCAGGTGATTTTATTTAAATTTATTCGATCATAT	1050
Db	3389	ATTAATATATTAATATTAATTTATTTAAAGATTTGCAAT	3424

RESULT 9
US-10-240-453-132
; Sequence 132, Application US/10240453
; GENERAL INFORMATION:

```

APPLICANT: OLEK, Alexander
APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with DNA
TITLE OF INVENTION: Transcription
TITLE OF INVENTION: by Means of Assessing the Methylation Status of Genes Associated
FILE REFERENCE: 5013.1009
CURRENT FILING DATE: 2002-10-02
PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/240,453
PRIOR FILING DATE: 2001-04-06
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/03973
PRIOR FILING DATE: 2000-04-06
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019058.8
PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019173.8
PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7
PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
PRIOR FILING DATE: 2000-09-01
NUMBER OF SEQ ID NOS: 350
SEQ ID NO 132
LENGTH: 8170
TYPE: DNA
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-240-453-132

```

```

Query Match 4.6%; Score 64.6; DB 6; Length 8170;
Best Local Similarity 44.0%; Pred. No. 0.00035;
Matches 419; Conservative 0; Mismatches 524; Indels 10; Gaps 3;

```

```

274 AATGATATGTTAATTAATTTACCTTGTGAGGTTCTTAAGTATCTCT 333
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
464 AATGATATGATTAATTTATTTGATATGATATTTGTTATTAATTTG 523
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
334 AGTATTTAGAACATATGCGCAATATGATTTCAATATTAAGTATTAACAT 393
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
524 TTTATTAAGTGAATATGAGTATGATTAATTTATTTATTAATTAATTAAT 583
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
394 AGCTATTCATATGATCTGTTGAGTATGATTAATTAATTAATTAATTAAT 453
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
584 TTTATTTATTTAGATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 643
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
454 TTAAGATTTCCCGGAGAGATTAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 513
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
644 TTGAATTTAT----GAGGTGTTAGTGTGTTGATATTAATTAATTAATTAAT 698
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
514 AATGCTATTTAGCAATTAATGATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 753
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
699 AATGATTAATTTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 758
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
574 GCTAATTTGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 818
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
759 ATTAAGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 878
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
634 ATTAAGAGGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 878
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
819 GTATTTTGAAGTAAATTTGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 878
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
694 GTTCTATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 753
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
879 AGTATGATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 938
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
754 TTTATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 938
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
939 TTTATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 998
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
814 TATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 873
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
999 GATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1058
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

```

874 AATTAACAGATTTATATGATTTGACCAATGCGCATCTGATTAACGCAATTTGAT 933
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1059 AGTATTTAAGATTAATTTGTTTATTAATTAAG----TAAATTAATTTATTTAAATAGAGA 1115
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
934 ATATATTATAGAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 993
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1116 AAAATTTTATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1175
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
994 AATGAATATGATTTCTTTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1053
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1176 AATTAAGTTATTTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1233
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1054 AATATGACCATTTGATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1113
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1234 ATTAAGTAAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1293
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1114 ATTTAGAGTATGATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1173
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1294 TTTATTAATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1353
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1174 AATATGCGGATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1226
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1354 AATTAATGTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1406
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

```

RESULT 10
US-10-240-453-306/c
Sequence 306, Application US/10240453
GENERAL INFORMATION:

```

```

APPLICANT: OLEK, Alexander
APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with DNA
TITLE OF INVENTION: Transcription
TITLE OF INVENTION: by Means of Assessing the Methylation Status of Genes Associated
FILE REFERENCE: 5013.1009
CURRENT FILING DATE: 2002-10-02
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/03973
PRIOR FILING DATE: 2001-04-06
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019058.8
PRIOR FILING DATE: 2000-04-06
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019173.8
PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7
PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
PRIOR FILING DATE: 2000-09-01
NUMBER OF SEQ ID NOS: 350
SEQ ID NO 306
LENGTH: 11812
TYPE: DNA
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-240-453-306

```

```

Query Match 4.6%; Score 64.4; DB 6; Length 11812;
Best Local Similarity 44.1%; Pred. No. 0.00038;
Matches 363; Conservative 0; Mismatches 456; Indels 5; Gaps 2;

```

```

476 TTAGCAATTAATTTAGGATTTACCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 535
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
2708 TAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2649
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
536 GGGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 595
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
2648 ATCAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2589
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
596 TACTTATGAGAGTGCAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 655
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
2588 AATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2529
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

:	TYPE:	DNA
:	ORGANISM:	Artificial Sequence
:	FEATURE:	
:	OTHER INFORMATION:	chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
:	US-10-240-453-108	
Query Match	4.6%; Score 64.4; DB 6; Length 15732;	
Best Local Similarity	44.2%; Pred. No. 0.00037;	
Matches 457; Conservative	0; Mismatches 561; Indels 16; Gaps	
OY	18 AATCCATTCTTCTATTCGAAAAATCGATGTGGGTTGATAATGAAGAATATAGA	77
Db	9193 AGTTAAATATATATATTTTATAGAAATTTGATATTGGATTAAATTTATTAATTAGSAG	9252
OY	78 TGTATATTTAAAAAAGACATCAATTTTAATTAGATATTAATATCATATATATATCAGA	137
Db	9253 AAAAATTTTTATTTTGATTAATAAATAAATTTAGTATATNGTGTATATAAGTATATAT	9312
OY	138 TATATCTGGGTTTATTTCTACTGTATTAACAATATCCAGATGTCATTTGGTCCCGAAT	197
Db	9313 AAAGTATATAGTTTATTTATTAAGTTTGGAAAAGAGTTGMAAAGTATATTTTAAATTTTA	9372
OY	198 AAATGCCAACCAATACATTTTATAGTAACATGATCTTGCAGGTTATATGCAATTAAGC	257
Db	9373 ATTTAAGAAAGATTTTATAGAAAAATAGTGTAGTTTAAATAGGTTTAAGTTAAATAG	9432
OY	258 TAGGATATTCATATATATATGATATGTTTAAATATTTTACCATTAGCTTTTGGTTGAGG	317
Db	9433 TATTAGATATAGTTTATTTATATATGTTAAGTGAAGTATGTAATTTGGAAAAAGATATA	9492
OY	318 TCCTAAGATCTCTCTACTGAT - TTAGAACANTATGSCAACNATGATATTCATATTA	376
Db	9493 ATTTAATTTATATATATATATATTTGTTATTTATTTTAAAGTGTATATATGAACTTT	9552
OY	377 GCCTATGAAAAAACATAGTCTATCATCATAGATCTGTTGGAGTGTATCCTTAAGAGTA	436
Db	9553 TTTTATTTTTTAAAT	9609
OY	437 ATACTTAATATAGACATTTAAAGATTCGCCGGGAGACTTACACAATPACTTTTAGG	496
Db	9610 AAATATATGCTAGCAAAATTAAGATATATATATGAGAAATTTATATAAATTTATATTAG	9669
OY	497 ATTACCTGATTAATTTAATGCTATTATAGCAAAATTAAGGCTTTTATTAACATTTACTA	556
Db	9670 TTGGAGATTTTATATATATTTTATGATATGTAAGAAATAGSTAAATAAATPAGTTTGA	9729
OY	557 ATGATGATTAATCTCGCAATTTTGTATATATAAGAGACTTATATGCAAGTCAGAAA	616
Db	9730 TAGATTTAGATTTTAT	9789
OY	617 TTACGCTTTAGAGCATTTATAGAGAGATTAATATATATATATATATATATATATATAT	676
Db	9790 ATAGAATTTTGGATTTTAACGTTATATAATTTTTTTAGTATTTTATGAGATATTTAGAA	9849
OY	677 ATAATATATATCATACGTTTCTATTTATATAATTTAGCATTTTTCGACAAAGCATTAATC	736
Db	9850 ATATTTATTTGTTATTAAGTA---TAAAAAGTTAAATCTATTTTAAAGTAGGAATA	9905
OY	737 CAAGAAGATGAAAAATATATACACAAGTATTTATCTATATACCTTTTAAAGACTCT	796
Db	9906 TATATATGATTTTTTTTGTTTTTTATATATATTTTGTATATAAAAATGTATTTATGAT	9965
OY	797 GGCGAAACCCTTAGCATATGATACAGATATTTTAAATACAGTACCTCTCTAGTTCTA	856
Db	9966 GAGTAAAGATATGATATTTTGAAGAAAGAGATATTTT-----TTTATATATTTGTT	10017
OY	857 AAGATGTTCAATGAAAAATATATACAGATATATATGATTTTGACAAATGCGCATGSTAT	916
Db	10018 GTAAATATGAAGTATATAAATGAATATGATTTATGAAATGTAAAGATTTATTTTGAGTA	10077
OY	917 CTACGGAAATTTGATATATATATATATAGAGGTTATATTAATGACATAAATTTATTTA	976

Query Match	4.5%	Score 63	DB 6	Length 5690
Best Local Similarity	43.0%	Pred. No.	0.00071	
Matches 523	Conservative	0	Mismatches 680	Indels 12
				Gaps 4

